

①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 13 839 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 13 839.3
㉔ Anmeldetag: 20. 3. 98
㉕ Offenlegungstag: 23. 9. 99

㉖ Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/435
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
C 07 K 16/18
A 61 K 38/17
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 13 839 A 1

㉗ Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉘ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉙ Erfinder:
Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474
Schönfeld-Weißig, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,
14480 Potsdam, DE; Rosentahl, André, Prof.
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

㉚ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

㉛ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Brusttumor-
gewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren
und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 13 839 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen, d. h. Genen; die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID-Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBlu-

escript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrec99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pwLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda Pr, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I. 5

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. 10

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird. 15

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden. 20

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147. 25

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 68 kodiert werden. 30

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 71 bis 148 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können. 35

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 enthalten. 40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulatorischen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern. 45

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 50

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 55

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen). 60

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. 65

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

5 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq-Datenbank.

10 **Fig. 2a** zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern.

15 **Fig. 5** zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

20

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

35 **Fig. 2b1-2b4** veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (**Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

55 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

60 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen.
Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	10
Brust	0.0053	0.0458	0.1165	8.5843	
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899	11.1243	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843	
Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601	1.1626	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	20
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	25
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937	30
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855	3.5025	
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	35
Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6161	
Prostata	0.0048	0.0043	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				45
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				50
					55
					60
					65

FOETUS
%Häufigkeit

Entwicklung	0.0000	40
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	45
Herz-Blutgefäesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	50
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

Brust	0.0000	55
Eierstock-Uterus	0.0228	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0082	60
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0032	65
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

5 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft "macrophage migration inhibition factor related Protein 14(MRP-14)".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
15	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
20	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
25	Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
30	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0449
65	Sinnesorgane	0.0000

2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30× stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	10
Brust	0.0013	0.0153	0.0874 11.4458	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163 0.8958	15
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214 0.8187	
Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934 0.7177	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606 0.3267	20
Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0100	0.0024	4.2137 0.2373	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710 1.7513	25
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088	30
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duennndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			40
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0041			45
Lunge	0.0111			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0000			50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0064			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0156			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0196	0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0182	0.0156	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0219	0.0409	0.5358	1.8663
	Gastrointestinal	0.0174	0.0238	0.7328	1.3646
	Gehirn	0.0534	0.0526	1.0160	0.9842
10	Haematopoetisch	0.0154	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0398	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0224	0.0378	0.5926	1.6876
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0300	1.3704	0.7297
	Niere	0.0297	0.1232	0.2412	4.1459
	Pankreas	0.0076	0.0276	0.2743	3.6460
20	Penis	0.0389	0.0267	1.4600	0.6849
	Prostata	0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus	0.0248	0.0356	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duennndarm	0.0156			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0154	
	Gastrointestinal	0.0216	
35	Gehirn	0.0188	
	Haematopoetisch	0.0079	
	Herz-Blutgefuesse	0.0368	
	Lunge	0.0481	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0279	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0204	
	Eierstock-Uterus	0.0320	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0414	
50	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0171	
	Haut-Muskel	0.0745	
	Hoden	0.0312	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0241	
55	Prostata	0.0321	
	Sinnesorgane	0.0077	

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495	5
Brust	0.0067	0.0174	0.3822	2.6162	
Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964	0.3230	
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0137	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138	1.4010	20
Niere	0.0030	0.0342	0.0868	11.5165	
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758	
Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155	25
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0092	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	40
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	45
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0093	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	50
Haut-Muskel	0.0227	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0291	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duennndarm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0488			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0053	0.0196	0.2718 3.6790	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562	
Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223 0.4306	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651 1.3069	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8478	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0038	0.0053	0.6857 1.4584	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0167	0.0129	1.3051 0.7662	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0062			25
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0062			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			55
Prostata	0.0256			
Sinnesorgane	0.0000			

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust	0.0147	0.0261	0.5606	1.7838
	Eierstock	0.0182	0.0234	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0456	0.0245	1.8605	0.5375
	Gastrointestinal	0.0233	0.0190	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0314	0.0230	1.3639	0.7332
10	Haematopoetisch	0.0196	0.0378	0.5175	1.9325
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0388	0.1275	7.8416
	Herz	0.0328	0.0275	1.1947	0.8371
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0149	0.0284	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0460	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4639	2.1554
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0246	0.0055	4.4569	0.2244
20	Penis	0.0449	0.0267	1.6846	0.5936
	Prostata	0.0167	0.0383	0.4350	2.2987
	Uterus	0.0231	0.0214	1.0831	0.9233
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0247	
	Gehirn	0.0375	
35	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefuesse	0.0204	
	Lunge	0.0296	
	Niere	0.0185	
	Prostata	0.0249	
40	Sinnesorgane	0.0279	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
45	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0093	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0097	
50	Hoden	0.0078	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0100	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0155	

55

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0139	0.0281	0.4959	2.0163	5
Brust	0.0080	0.0414	0.1931	5.1778	
Eierstock	0.0122	0.0260	0.4674	2.1393	
Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0354	0.7728	1.2940	10
Gastrointestinal	0.0252	0.0333	0.7561	1.3226	
Gehirn	0.0237	0.0175	1.3547	0.7382	
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0149	0.1693	0.0881	11.3508	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477	0.8713	
Herz	0.0381	0.0412	0.9249	1.0812	20
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0174	0.0615	0.2836	3.5259	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0383	0.2520	3.9685	25
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508	
Niere	0.0208	0.0548	0.3799	2.6323	
Pankreas	0.0284	0.0000	undef	0.0000	30
Penis	0.0180	0.1066	0.1685	5.9360	
Prostata	0.0119	0.0213	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0116	0.0285	0.4061	2.4622	35
Brust-Hyperplasie	0.0109				
Duennndarm	0.0374				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				40
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0307	35
Gastrointestinal	0.0216	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0079	40
Herz-Blutgefasse	0.0245	
Lunge	0.0259	
Niere	0.0062	45
Prostata	0.0748	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	50
Eierstock-Uterus	0.0205	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0233	55
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0615	60
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0181	65
Prostata	0.0192	
Sinnesorgane	0.0387	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0053	0.0218	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
	Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0324	0.0189	1.7118	0.5842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0208	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0148
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0244
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0465	0.0051	9.0924 0.1100	5
Brust	0.0107	0.0458	0.2330 4.2922	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895 2.5671	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214 0.8187	
Gehirn	0.0042	0.0088	0.4838 2.0669	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477 0.8713	
Herz	0.0064	0.1649	0.0385 25.9489	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534 0.9493	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0120	4.2826 0.2335	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0310	0.0362	0.8554 1.1690	
Uterus	0.0116	0.0427	0.2708 3.6932	
Brust-Hyperplasie	0.0363			
Duennndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0185	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0082	
Lunge	0.0185	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0140	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.1156	45
Eierstock-Uterus	0.0183	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0057	50
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0321	55
Sinnesorgane	0.0077	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
20	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0340
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0656
	Nerven	0.0030
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0387

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750	5
Brust	0.0160	0.0545	0.2936	3.4065	
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9744	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	30
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0218				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0039	40
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0041	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0070	65
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0308	
35	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0370	
	Niere	0.0062	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0204	
	Eierstock-Uterus	0.0114	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0099	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0285	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0110	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0155	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0261	0.3058 3.2702	
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507	
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465 2.2395	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953 1.0047	10
Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000 undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0125	0.0165	0.7524 1.3290	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0149	0.0137	1.0854 0.9213	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	20
Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9680	
Prostata	0.0524	0.0341	1.5381 0.6501	
Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0062			25
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	
Gastrointestinal	0.0092	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0259	
Niere	0.0247	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0183	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0181	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0285	50
Haut-Muskel	0.0324	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0705	55

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock 0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0381	0.1435	6.9675
	Gastrointestinal 0.0058	0.0143	0.4071	2.4562
10	Gehirn 0.0076	0.0066	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
20	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0356			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0123
35	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0118
	Herz-Blutgefuesse 0.0123
	Lunge 0.0185
	Niere 0.0124
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
	Gastrointestinal 0.0122
50	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0312
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0070
55	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497	5
Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	15
Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137	
Magen-Speiserohre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680	
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0125				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0074	40
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1461	6.8457
	Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0109	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0051	0.0099	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0191	0.0106	1.7898	0.5587
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
55	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588	
Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851	
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593	
Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462	
Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455	
Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenn darm	0.0436				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0470				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0247	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0205	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0052	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0321	55
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0182	0.0078	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0164	0.0245	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0213	0.0190	1.1196	0.8932
	Gehirn	0.0144	0.0186	0.7741	1.2918
10	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0248	0.0065	3.8257	0.2614
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0428	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0199	0.0165	1.2039	0.8306
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus	0.0132	0.0142	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
	Gehirn	0.0125	
35	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0111	
	Niere	0.0185	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0140	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0058	
	Gastrointestinal	0.0488	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0040	
55	Prostata	0.0385	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0067	0.0261	0.2548	3.9243	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918	10
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083	3.2436	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenn darm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0228	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0064	55
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0092	
	Gehirn	0.0125	
35	Haematopoetisch	0.0157	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0114	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0597	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
Lunge	0.0012	0.0095	0.1317	7.5943
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0143	0.0213	0.6712	1.4899
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointestinal	0.0031
Gehirn	0.0250
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0245
Lunge	0.0037
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0297
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0222
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0030
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0077

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0152	0.0234	0.6492	1.5403
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0327	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0291	0.0095	3.0535	0.3275
	Gehirn	0.0203	0.0252	0.8078	1.2380
10	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0137	0.0118	1.1588	0.8630
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
15	Niere	0.0327	0.0411	0.7960	1.2563
	Pankreas	0.0114	0.0221	0.5143	1.9446
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0286	0.0234	1.2203	0.8195
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
20	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duennndarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0122			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0368
35	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
40	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0228
	Endokrines_Gewebe	0.0245
45	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0156
50	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0102	0.0077	1.3270 0.7536	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000 undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428 7.0051	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9040	
Prostata	0.0000	0.0064	0.0000 undef	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0111	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0102	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
10	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0126	0.0378	0.3327	3.0061
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
20	Pankreas	0.0038	0.0442	0.0857	11.6673
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0149	0.9588	1.0429
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0031	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0062	
40	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0068	
	Eierstock-Uterus	0.0228	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0216	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0648	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0050	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249	5
Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419	4.1338	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0064	0.0412	0.1541	6.4872	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	30
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088	35
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0307	35
Gastrointestinal	0.0062	
Gehirn	0.0250	
Haematopoetisch	0.0197	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0185	
Niere	0.0062	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0558	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	50
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	55
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0070	65
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0080	0.0174	0.4587	2.1801
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0034	0.0110	0.3096	3.2295
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0221	0.0857	11.6673
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0285	0.1741	5.7450
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.1247
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0122
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0453
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395	
Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0025	0.0307	0.0829	12.0569	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675	
Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0226				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0197	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	45
Eierstock-Uterus	0.0023	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0128	55
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
	Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
10	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0224	0.0165	1.3544	0.7383
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0114	0.0387	0.2939	3.4030
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0214	0.0129	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0305			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.1537	
	Gastrointestinal	0.0401	
	Gehirn	0.1126	
35	Haematopoetisch	0.0472	
	Herz-Blutgefasse	0.0164	
	Lunge	0.0481	
	Niere	0.0247	
	Prostata	0.0499	
40	Sinnesorgane	0.1954	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0544	
	Eierstock-Uterus	0.0320	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0636	
	Gastrointestinal	0.0610	
50	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.1328	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0191	
	Prostata	0.0064	
55	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878	
Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861	10
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0263	0.0110	2.3997	0.4167	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0275	0.2312	4.3248	20
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0112	0.0047	2.3702	0.4219	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000	30
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duendarm	0.0125				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				40
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	40
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0047	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0227	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0231	65
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
10	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0063
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0748
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0366
50	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
55	Sinnesorgane	0.0155

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399	10
Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825	
Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0037	0.0095	0.3950	2.5314	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	25
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756	
Niere	0.0149	0.0068	2.1708	0.4607	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723	30
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				40
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	35
Gastrointestinal	0.0062	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	50
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0111	55
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0453	60
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0100	65
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0051	0.0011	4.6446	0.2153
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0031	
35	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0114	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0017	
	Gastrointestinal	0.0122	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
55	Prostata	0.0064	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996	5
Brust	0.0000	0.0218	0.0000 undef	
Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750 3.6368	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125 1.4035	
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106 9.0427	
Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef 0.0000	10
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0535	0.0473	1.1324 0.8831	15
Magen-Speiserohre	0.0676	0.0767	0.8819 1.1339	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570 0.4861	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duennndarm	0.0249			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	
Gastrointestinal	0.0154	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0037	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
10	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0046	
	Endokrines_Gewebe	0.0490	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0131	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249	5
Brust	0.0053	0.0283	0.1882 5.3141	
Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349 1.0696	
Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569 0.8644	
Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612 0.8612	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606 0.3267	
Herz	0.0127	0.0137	0.9249 1.0812	
Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572	15
Lunge	0.0212	0.0165	1.2792 0.7818	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662 1.5011	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0133	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0533	0.0562 17.8081	20
Prostata	0.0167	0.0064	2.6101 0.3831	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duennndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefasse	0.0041	
Lunge	0.0111	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0274	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0204	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0421	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0151	
Prostata	0.0256	55
Sinnesorgane	0.0542	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0076	0.0000	undef	0.0000
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0117
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef	5
Brust	0.0040	0.0218	0.1835	5.4504	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375	
Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0031				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0185	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0228	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0128	55
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
40	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0340
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0146
	Gastrointestinal 0.0000
50	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0181
55	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	5
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0008	0.0000	undef 0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	10
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000 undef	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duennndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			25
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	35
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	50
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	55

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duennndarm 0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
35	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefasse 0.0041
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
40	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
50	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
55	Sinnesorgane 0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0093	0.0196	0.4757	2.1023	5
Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582	0.6418	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0110	0.0131	0.8386	1.1924	
Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274	10
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144	
Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678	
Pankreas	0.0133	0.0055	2.3999	0.4167	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0109				
Duenndarm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				25
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	30
Gastrointestinal	0.0092	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0000	35
Herz-Blutgefuesse	0.0082	
Lunge	0.0296	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock-Uterus	0.0046	45
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0210	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0032	50
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0131	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0027	0.0153	0.1747	5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741	1.2918
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7798	0.2646
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0247
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0131	0.1019 9.8107	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386 0.8074	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0047	0.0000 undef	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000 undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0063	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0023	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
10	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0307
	Gastrointestinal	0.0062
35	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Herz-Blutgefasse	0.0164
	Lunge	0.0148
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0499
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0187
	Gastrointestinal	0.0244
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
55	Prostata	0.0321
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0153	0.2621 3.8153	
Eierstock	0.0091	0.0286	0.3187 3.1376	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0327	0.5582 1.7916	
Gastrointestinal	0.0155	0.0095	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0127	0.0099	1.2902 0.7751	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0265	0.0275	0.9634 1.0380	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	15
Lunge	0.0149	0.0260	0.5746 1.7403	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130 0.5838	
Niere	0.0208	0.0342	0.6078 1.6452	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697	
Uterus	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duennndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0062	
Gehirn	0.0125	35
Haematopoetisch	0.0236	
Herz-Blutgefuesse	0.0286	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0279	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0114	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0210	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0421	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0064	55
Sinnesorgane	0.0155	

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0046	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0040	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef	5
Brust	0.0053		0.0153		0.3495	2.8614	
Eierstock	0.0213		0.0234		0.9089	1.1002	
Endokrines_Gewebe	0.0182		0.0518		0.3525	2.8368	
Gastrointestinal	0.0078		0.0048		1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0136		0.0120		1.1260	0.8881	10
Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0194		0.0000	undef	
Herz	0.0095		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0428		0.0117		3.6565	0.2735	15
Lunge	0.0137		0.0142		0.9656	1.0356	
Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0600		0.0286	35.0255	
Niere	0.0178		0.0479		0.3721	2.6872	
Pankreas	0.0170		0.0000		undef	0.0000	20
Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0071		0.0383		0.1864	5.3637	
Uterus	0.0066		0.0071		0.9283	1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0218						
Duenndarm	0.0000						25
Prostata-Hyperplasie	0.0208						
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0353						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0218						30
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
Entwicklung	0.0154						
Gastrointestinal	0.0123						35
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0039						
Herz-Blutgefuesse	0.0164						
Lunge	0.0037						
Niere	0.0185						
Prostata	0.0249						40
Sinnesorgane	0.0140						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0434						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0210						
Gastrointestinal	0.0366						50
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0972						
Hoden	0.0468						
Lunge	0.0082						
Nerven	0.0151						
Prostata	0.0321						55
Sinnesorgane	0.0310						

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0236	
	Herz-Blutgefasse	0.0041	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0748	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0205	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0128	
	Gastrointestinal	0.0244	
50	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0078	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0030	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843	
Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903	5.2538	
Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168	30
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse Blutkoerperchen	0.0000				45

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0050
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
	Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
10	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
20	Pankreas	0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
35	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0118
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0111
	Niere	0.0309
40	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0274
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0122
50	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0324
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0131
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0067	0.0153	0.4368 2.2892	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0136	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500 1.0527	
Gehirn	0.0144	0.0088	1.6450 0.6079	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0062	0.0095	0.6584 1.5189	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0997	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5076	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571 1.1667	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925 0.7181	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0218			25
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0031	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0157	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	40
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0068	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0366	50
Haematopoetisch	0.0171	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0080	55
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0077	

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0079	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0136	
	Eierstock-Uterus	0.0320	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0367	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0000	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	5
Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878	
Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446	30
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				45
					50
					55

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointental	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopcetisch	0.0079	40
Herz-Blutgefaesse	0.0000	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	50
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	50
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	60
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0128	55
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0173	0.0523	0.3313	3.0187
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0285	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755	
Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562	
Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871	2.5836	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288	15
Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0031				25
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointental	0.0000				35
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0082				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0185				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0068				
Eierstock-Uterus	0.0160				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0155				

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0082	
Lunge	0.0037	
Niere	0.0185	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0160	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0064	55
Sinnesorgane	0.0155	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0080	0.0153	0.5242	1.9076	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907	10
Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257	3.0703	
Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635	1.5071	
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	30
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse Blutkoerperchen	0.0035				45

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	40
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0185	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0140	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0087	50
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0097	55
Hoden	0.0156	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0697	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
35	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0665	0.0699	14.2976	5
Brust	0.0080	0.0436	0.1835	5.4504	
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0213	0.0571	0.3732	2.6795	
Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0087	0.0142	0.6145	1.6273	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0119	0.0205	0.5789	1.7275	
Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800	2.0835	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0119	0.0106	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0343				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				25
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0092				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0476				45
Eierstock-Uterus	0.0274				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0052				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0174	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0093	0.1508	0.0616 16.2223	5
Brust	0.0013	0.0392	0.0340 29.4320	
Eierstock	0.0152	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642 0.2729	
Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289 1.0765	10
Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0261	0.0307	0.8508 1.1753	
Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197 0.2165	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517 1.0508	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Pankreas	0.0114	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.1258	0.1600	0.7862 1.2720	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0826	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0062	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0037	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0052	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0057	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0410	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0449	55
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
15	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198	0.7043
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.1011			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0030
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	20
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
					35
					40
					45
					50
					55

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

5 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 10 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Ab-
 15 weichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann.

Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine
 20 komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der
 25 Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokali-sation
1	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane NADH_ubiquinone oxido-reductase MLRQ-Untereinheit; sie stellt ein Enzym der Elektronen-Transportkette dar	265	513	unbkt.
2	ca. 9 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nicht bekannt ist	238	670	unbkt.
3	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich vermutlich um einen Transkriptionsfaktor	214	1845	unbkt.
4	ca. 6 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein", gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System" (fängt Proteinase-Aktivität ab)	238	1499	humanes Chromoso-m 4p16;3
5	ca. 30 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Blasen-tumor als im entspr. Normalgewebe	"macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)", spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation	209	688	unbkt.
6	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes lamin B2 (LAMB2) Gen, Lamins bilden die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt, sie spielt eine wichtige Rolle in der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription	268	909	STS nicht kartiert.
7	ca. 4 x stärker im Pankreas als im entspr. Normalgewebe	regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde	260	930	unbkt.

Lfd.	Expression	Funktion	EST	Länge der ange- mel.	Chromos.
Nr.			Ausg.		Lokali- sation
8	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxioredoxin- Familie), es schützt die Zelle vor oxidativen Prozessen.	länge 260	Sequenz 989	unbkt.
9	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	276	2017	unbkt.
10	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 9x stärker im Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Fibromodulin, es stellt ein Proteoglykan des Knorpels dar	252	2233	Hum.Chro m. 1 zw. D1S477u D1S504 (219-222 cM)
11	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt und reguliert über die Actine die Zellbeweglichkeit	252	1365	Hum.Chro m. 2 zw. D2S289u. D2S388 (107-111 cM)
12	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 13 x stärker im Herztumor als im entspr. Normalgewebe	Östrogen-induzierbares Gen, dessen Funktion noch nicht verstanden ist	273	1597	Hum.Chro m. 18 zw. D18S1114 u.D18S468 (61-64 cM)

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chrom. Lokalisation
13	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane "integrin-linked kinase (ILK)", steuert den Zusammenbau der Fibrinection-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin, ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen	296	1780	Hum.Chro m. 11 zw. D11S1318 u. D11S1338 (6-14 cM)
14	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	301	892	Hum.Chro m. 6 zw. D6S276u. D6S439 (44-48 cM)

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der Ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokali-sation
15	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Gegenstück des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"), spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel	263	992	Hum.Chro m. 14 zw. D14S63 u. D14S251 (59-65 cM)
16	ca. 11 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist	260	1196	unbkt.
17	ca. 6 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	293	1105	unbkt.
18	ca. 7 x stärker im Brusttumor und im Blasen-tumor als im entspr. Normalgewebe	neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zum Maus "synaptosomal associated protein"	272	2006	Hum.Chro m. 7, zw. D7S499 u. D7S2429 (76-77 cM)
19	in Brusttumoren erhöht	human intestinal trefoil factor	246	834	unbkt.
20	in Brusttumoren erhöht	humane RNA polymerase II transcription factor	279	765	Chromoso m 13
21	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, hat geringe Homologie zu einem humanen Homeobox-Gen	245	779	unbkt.
22	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 17 x stärker im Hauttumor als im entspr. Normalgewebe	humane JAK1 Tyrosinkinase, ein US-Patent besteht	282	2327	STS nicht kartiert.
23	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	260	911	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der Ange- mel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
24	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück eines Gens von <i>arabidopsis thaliana</i> (Chromosom 1)	264	595	unbkt.
25	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, vermutlich humanes Gegenstück eines Gens von <i>caenorhabditis elegans</i> , das auf Cosmid R11H6 lokalisiert ist	251	886	unbkt.
26	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humane "macropain subunit zeta", ein Proteinbestandteil eines Proteosoms, das den Abbau von Proteinen und möglicherweise auch von RNA reguliert	239	1008	unbkt.
27	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 4 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	269	2273	unbkt.
28	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 6 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Cyclin D1, ein US-Patent besteht, gemäß einer Veröffentlichung wird Cyclin D1 in Pankreastumoren überexprimiert	252	3448	unbkt.
29	ca. 8 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Gehirntumor als im entspr. Normalgewebe	Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül	281	1579	STS nicht kartiert
30	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 3 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humanes 80K-L Protein, ein Substrat der Protein-Kinase C	270	3070	STS fehlt !

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
31	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	291	2751	unbkt.
33	Expression in Brusttumoren stark erhöht	Benzodiazepin-Rezeptor	275	890	KEINE ANGABE
35	im Brusttumor stark erhöht	Ubiquinon Oxidoreduktase	287	693	KEINE ANGABE
36	im Brusttumor stark erhöht	neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört (humanes Homolog zu KIF2)	282	1054	KEINE ANGABE
37	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen (Gehirn-, Blase-, Eierstocktumoren)	Lysozym	155	541	KEINE ANGABE
38	erhöht in Brust- und Prostatatumoren	unbekannt	291	1187	KEINE ANGABE
39	in Brust- und Penistumoren stark erhöht	putative Serin-/Threoninkinase	239	2281	STS WI- 13202 (Chrom. 6, Koordinate 761 CentiRays)

Lfd Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
40	im Brusttumor stark erhöht	putatives Kupfer-Aufnahme Gen	271	1759	STS WI- 11879 (Chrom. 9, Koordinate 429.1 CentiRays)
41	im Brusttumor stark erhöht	Alpha Galaktosidase A	245	1447	KEINE ANGABE
42	im Brusttumor stark erhöht	neues Homologes zu humanem B-cell Wachstumsfaktor (BCGF-1)	151	831	KEINE ANGABE
43	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	263	528	KEINE ANGABE
44	im Brusttumor sehr stark erhöht	unbekannt	270	1027	Siehe PAC
45	in hämatopoetischen und Brusttumoren erhöht	Phosphatase	303	2160	KEINE ANGABE
46	im Brusttumor erhöht	HUMANES Homologes zu einem Maus co- Chaperonin	323	642	KEINE ANGABE
47	im Brusttumor stark erhöht	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11	266	1415	KEINE ANGABE
48	im Brusttumor erhöht	RNA-Helicase	261	2949	KEINE ANGABE
49	in Brust-, Blasen und Prostatatumoren erhöht	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist	268	665	KEINE ANGABE
50	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	904	

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Lfd Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
51	erhöht in Brust- sowie Prostata- und Skelettmuskel Tumoren	neue humane ATPase	291	1239	KEINE ANGABE
52	in Gehirn-, Brust-, Penis- und Pankreastumoren erhöht	unbekannt	260	966	KEINE ANGABE
53	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen Tumoren (Gastrointestinal, Gehirn, Niere, Pankreas, Prostata)	Homologes zum NAG-2 Gen	250	556	KEINE ANGABE
54	in Brust-, Pankreas- sowie Gastrointestinaltumoren erhöht	Arginin Methyltransferase	295	1349	KEINE ANGABE
55	in Brust- sowie anderen Tumoren (Herz, Skelettmuskel, Prostata) erhöht	unbekannt	284	2021	Chromoso m 17
56	nur im Brusttumor gefunden	Stromelysin	262	900	KEINE ANGABE
57	im Brusttumor erhöht	humanes GTP bindendes Protein	272	1212	Keine Angabe
58	im Brusttumor erhöht	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	242	494	Chrom. 11q12 pac pDJ363p2
59	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	729	Keine Angabe
61	im Brusttumor erhöht	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	241	1315	Keine Angabe
62	in Brust- und Uterustumoren erhöht	unbekannt	219	2011	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der ange- mel. Sequenz	Chrom Lokalisat.
63	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	246	2009	STS SHGC- 32788 (Chrom. 1, Koordinate 5089.0 Centirays)
64	in Brust- und Blasen Tumoren stark erhöht	Ets Transkriptionsfaktor	256	2269	Keine Angabe
65	im Brusttumor erhöht	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette	246	1874	STS SHGC- 34461 (
66	in Blasen- und Brusttumoren stark erhöht	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor	238	687	
67	im Brusttumor erhöht	möglicherweise eine Dehydrogenase	218	1528	
68	In Brusttumoren erhöht.	unbekannt	173	904	

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Tabelle II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.		Peptid-Sequenz (ORFs) Seq. ID. No.
5	3	71
	9	72
		73
		74
		75
10		76
	14	77
	16	78
	17	79
		80
15	18	81
	19	82
	20	83
	21	84
		85
20		86
		87
	23	88
		89
	24	90
25	25	91
	27	92
		93
	29	94
	31	95
30		96
		97
		98
	33	99
		100
35	35	101
	36	102
	38	103
	39	104
	40	105
40	41	106
	42	107
	43	108
		109
		110
45	44	111
		112
		113
	46	114
	47	115
50		116
	48	117
	49	118
		119
	50	120
55	51	121
		122
	52	123
		124
		125
60	53	126
		127
	54	128
	55	129
		130
65		131
		132
		133

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORFs) Seq. ID. No.	
56	134	
	135	
57	136	5
58	137	
59	138	
	139	
61	140	
62	141	10
63	142	
	143	
	144	
64	145	
66	146	15
67	147	
68	148	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben. 20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 513 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CCTTCAGGTA	GGAGGTCCTG	GGTGACTTTG	GAAGTCCGTA	GTGTCTCATT	GCAGATAATT	60	
TTTAGCTTAG	GGCCTGGGGG	CTAGGTCGGT	TCTCTCCTTT	CCAGTCGGAG	ACCTCTGCCG	120	5
CAAACATGCT	CGCCAGATC	ATCAGTCAGG	CCAAGAAGCA	TCCGAGCTTG	ATCCCCCTCT	180	
TTGGATTTAT	TGGAACCTGA	GCTACTGGAG	CAACACTGTA	TCTCTTGCGT	CTGGCATTGT	240	
TCAATCCAGA	TGTTTGTTGG	GACAGAAATA	ACCCAGAGCC	CTGGAACAAA	CTGGGTCCCA	300	
ATGATCAATA	CAAGTTCTAC	TCAGTGAATG	TGGATTACAG	CAAGCTGAAG	AAGGAACGTC	360	10
CAGATTTCTA	AATGAAATGT	TTCATAATA	CGCTGCTTTA	GAATGAAGGT	CTTCCAGAAG	420	
CCACATCCGC	ACAATTTTCC	ACTTAACCAG	GAAATATTTC	TCCTCTAAAT	GCATGAAATC	480	
ATGTTGGAGA	TCTCTATTGT	AATCTCTATT	GGN			513	

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 670 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

atagggccgg	tgctgcctgc	ggaagccggc	ggctgagagg	cagcgaactc	atctttgcca	60	
gtacaggagc	tcgtgccgtg	gcccacagcc	cacagcccac	agccatgggc	tgggacctga	120	50
cggtgaagat	gctggcgggc	aacgaattcc	aggtgtccct	gagcagctcc	atgtcgggtg	180	
cagagctgaa	ggcgagatc	accagaaga	tcggcgtgca	cgcttccag	cagcgtctgg	240	
ctgtccaccc	gagcgggtgtg	gcgctgcagg	acagggtccc	ccttgccagc	cagggcctgg	300	
gccccggcag	cacggctctg	ctggtggtgg	acaaatgcga	cgaacctctg	agcatcctgg	360	55
tgaggaataa	caagggccgc	agcagcacct	acgaggtgcg	gctgacgcag	accgtggccc	420	
acctgaagca	gcaagtgagc	gggctggagg	gtgtgcagga	cgacctgttc	tggtgacct	480	
tcgaggggaa	gcccctggag	gaccagctcc	cgctggggga	gtacggcctc	aagcccctga	540	
gcaccgtgtt	catgaatctg	cgctgcggg	gaggcggcac	agagcctggc	gggcggagct	600	60
aagggcctcc	accagcatcc	gagcaggatc	aagggccgga	aataaaggct	gttgtaaaga	660	
gaaaaaaaa						670	

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

35 ggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag 60
   tgggttggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgccccat 120
   ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctggt ggagaagcag 180
   acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
   gtctgctgga cgagctgacc ttggaagggg tggcccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
40 gcagagtcac ctgttttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
   gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc taccagagg 420
   ccactcttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc cttcttcgcc ctgcgcaagg 480
   aactctatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta ctcatgcgc ctgctgaagg 540
45 acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacaata taccctggag cgaatagccg 600
   ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660
   ggccaagtgc cggcacgaat accgcctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
   gacgccaag tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
   gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttctgaagg tggacctct 840
50 cctgggtcatg ggtacctct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
   cctctccacc cctcgctctc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttct 960
   ggggatgatt atgggcctcg gaggagcat ggactttgac tccaagaagg cctacagga1020
   cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccagg ctgcttgccc cttgctgagc tcttggtatg1080
55 gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
   ggcgggggtc cccaaccca gcacttcagc ttcccccaag aagtccccgc cacctgcca1200
   ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtga cagctgcac tcccaggcgg1260
   gatgccgagc tctcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct cttaccagc1320
60 agttcttgtc tggggagctc agaacaatccc ccaatctctt acagctccct ccccaaaact1380
   ggggtcccag caaccctggc cccaacccc agcaaatctc taacacctcc tagaggcca1440
   ggcttaaaca ggcattctta ccagccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
   acctccctca tctctaactg cccccacggg gccagggcta cccagaact tttactctt1560
   ccaggacagg gagcttcggg ccccaactct gtctcctgcc cccgggggccc tgtggctaag1620
65 taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacaccag1680
   cgtaggggga gtctgagccg ggagggtcc cgagtctctg ccttcagctc ccaaagtggg1740

```

tggtgggccc ccttcacgtg ggacccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa 1845

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1499 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

cggctcgagg	gcgccgcgga	gggtcaggtc	gtttctgcgc	gggctcccgg	cgctgctact	60
gctgctgctc	ttcctcgggc	cctggcccgc	tgcgagccac	ggcggcaagt	actcgcggga	120
gaagaaccag	cccaagccgt	ccccgaaacg	cgagtccgga	gaggagtcc	gcatggagaa	180
gttgaaccag	ctgtgggaga	aggcccagcg	actgcatctt	cctcccgtga	ggctggccga	240
gctccacgct	gatctgaaga	tacaggagag	ggacgaactc	gcctggaaga	aactaaagct	300
tgacggcttg	gacgaagatg	gggagaagga	agcgagactc	atacgcaacc	tcaatgtcat	360
cttggccaag	tatggtctgg	acggaaagaa	ggacgctcgg	caggtgacca	gcaactccct	420
cagtggcacc	caggaagacg	ggctggatga	ccccaggctg	gaaaagctgt	ggcacaaggc	480
gaagacctct	gggaaattct	ccggcgaaga	actggacaag	ctctggcggg	agttcctgca	540
tcacaaagag	aaagttcacg	agtacaacgt	cctgctggag	accctgagca	ggaccgaaga	600
aatccacgag	aacgtcatta	gcccctcgga	cctgagcgac	atcaagggca	gcgtcctgca	660
cagcaggcac	acggagctga	aggagaagct	gcgcagattc	aaccagggcc	tggaccgcct	720
gcgcagggtc	agccaccagg	gctacagcac	tgaggctgag	ttcgaggagc	ccagggtgat	780
tgacctgtgg	gacctggcgc	agtccgccaa	cctcacggac	aaggagctgg	aggcgttccg	840
ggaggagctc	aagcacttcg	aagccaaaat	cgagaagcac	aaccactacc	agaagcagct	900
ggagattgcg	cacgagaagc	tgaggcacgc	agagagcggtg	ggcgacggcg	agcgtgtgag	960
ccgcagcccg	gagaagcacg	ccctgctgga	ggggcggacc	aaggagctgg	gctacacgggt	1020
gaagaagcat	ctgcaggacc	tgccggcgag	gatctccaga	gctcggcaca	acgaactctg	1080
aaggcattgg	ggagcccagc	ccggcaggga	agaggccagc	gtgaaggacc	tgggctcttg	1140
gccgtggcat	ttccgtggac	agcccgcctg	cagggtggct	ggggctggca	cgggtgtcga	1200
ggcaggaagg	attgtttctg	gtgactgcag	ccgctgccgt	cgcgacacag	ggcttggtgg	1260
tggtagcatt	tgggtctgag	atcggccag	ctctgactga	aggggcttgg	cttccactca	1320
gcatcagcgt	ggcagtcacc	accccagtga	ggacctcgat	gtccagctgc	tgtcagggtct	1380
gatagtcctc	tgctaaaaca	acacgattta	cataaaaaat	cttacacatc	tgccaccgga	1440
aataccatgc	acagagtcct	taaaaaatag	agtgcagtat	ttaaaccaaa	aaaaaaaaaa	1499

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 688 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

```

35  gggccaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
    cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
    gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
    gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
    ttttctcaag aaggagaata agaattgaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
40  cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
    ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
    aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
    cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
45  tctacccaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaactg tcttggtgtg ggggctaggg 600
    gctggggcca aataaagtct ctctctccaa gtcagtgtct tgtgtgcttc ttccagctcc 660
    tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg
                                     688

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 909 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

tcgagccgca	ttcgaccaga	agtcggcgca	cgcggcctcg	gtccgggtga	ctttgoggac	60
catggagggc	ggcttcggct	ccgatttcgg	gggctccggc	agcgggaagc	tggaaccagg	120
gctcataatg	gagcaggtga	aagtgcagat	cgccgtggcc	aacgcgcagg	agctgctgca	180
gaggatgacg	gacaagtgtt	tccggaagtg	tatagggaag	cctgggggct	ccctggacaa	240
ctccgagcag	aagtgcacatg	ccatgtgcat	ggaccgctac	atggacgcct	ggaacaccgt	300
gtctcgcgcc	tacaactcgc	ggctgcagcg	ggaacgagcc	aacatgtgac	cggcgagcgc	360
gggccacccc	accctgttca	tttccataaa	cgtgctttga	gaggcggggt	ccgcatgtac	420
gtactgcctg	cccggggctt	aggagggtgg	caccggtgct	gggacacacg	ggactgtgtc	480
ctcgccaccc	cccgccctgc	cccctgccag	ccagtgcagc	ttggatctcg	ggggtgtggg	540
gccctgtgcc	ttcctgaagt	gctggcagcc	cagtggcacc	tccttcaggc	ctttggggta	600
ttcccctagt	gtgcccgaag	cagcctcata	ttctggggcg	acagcttgct	tggaacttcg	660
agttgggggt	ggtcagacac	cacaggagct	gtcacctcct	gcggatgggc	aaataaattg	720
gtggaggacg	gaaagaaacc	tctttatttc	cctcctgagg	ggtctctctc	tggaagagg	780
tgacgcgtgt	ccctggaacc	ccagctcgga	gggtctcagc	ctcccctggg	ttgggagaag	840
tccatctttc	cccttagtgc	caccgggctg	ctgagtcacg	aggaatgtgt	tgctgctgcc	900
accctgcc						909

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

5 tgaggccaag gcggcgtgag tctgctcagt gtggggctga gggaggccgg acggcgcgcg 60
 tgcgtgctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaacat ataacataaa 120
 aatggcttcc aaaagagctc tggtcacctt ggctaaagga gcagaggaaa tggagacggg 180
 catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaagggt accgttgcag gcctggctgg 240
 aaaagaccca gtacagtgtg gccgtgatgt ggtcatttgt cctgatgcca gccttgaaga 300
 10 tgcaaaaaaa gagggacccat atgatgtggt ggttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
 gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
 cctgatagcc gccatctgtg caggctctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
 aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
 15 ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg ggcttgggac 600
 cagcttcgag tttgcgcttg caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggtca 660
 agtgaaggct ccacttgctt ttaaagacta gagcagcgaa ctgcgacgat cacttagaga 720
 aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
 20 atgtgttcag aagtcgctgt ccttactact tttgcggaag tatggaagtc acaactacac 840
 agagatttct cagcctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttgttt gcagaataaa 900
 cagggcattt agcaaaactaa aaaaaaaaaa 930

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

60 cgcgcgggcg tctgtcacgc ggttgtagct gcccgggcggc ggcagaagcg gcgctcgcgc 60
 caagggacgt gtttctgcgc tgcgctgggtc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgcaca 120
 actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gttcctgctg 180
 ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
 tgccacttct acgcgggttg acaagtgtac ccgggagagg catcccggtt atcggtcgcc 300
 65 gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360


```

acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttgggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttacccattt ggccctggatt aatacccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttgggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cccggtagtg aaacaataat cccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattacacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcttgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccgagg tctgtattat cctactgcca cataggaagt aaaatgagta ctacacagcct 120
tgcgccctaat cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt cttccttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaatttgag cctggagcct ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgtcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcggaat tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgaagt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactgggta caaagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtcctctgca ggaaaggatt gatgctgata 960

```

65

```

gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atgggctggag atgacattta1020
tccaggggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttttt1080
aaccaaatag atagggggagg ggaggaggga gagggaggac agggagagaa aataccatgc1140
5 ataaattggt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tattttccaag cctgagtatt1200
gtctattggt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260
gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaal380
10 acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tctttataaa atccaaagta ctgtgaaaaa1440
attttacata ttttttaaat cttctgacta atgctaaaac gtaatctaata taaatttcat1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560
ctatagtttc tataatttat ttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgta1620
15 aactttgtgg cttttggtct gtgatgcttg gtctcaagg aaaaaataag atggtaaagt1680
ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaaca taaaagttaa ttttagagta1740
gttttatatt aattacaaaa ctttttcaaa acaaattctt acgtcaaata tctgggaagt1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
20 ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaa aggcctttctc ttcatacttt1920
tgaaaaattt cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttccaag1980
caatatgttt tgggttttaga gtctgagtga tgaccaa 2017

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2233 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```

cggctcgagc ggcgcggaagt tccatgaggg gcctccggtc actgatcttg ctggacctga 60
gttataacca ccttcggaag gtgcctgatg ggctgccttc agctcttgag cagctgtaca 120
60 tggagcacia caatgtctac accgtccccg atagctactt ccggggggcg cccaagctgc 180
tgtatgtgcg gctgtccac aacagtctaa ccaacaatgg cctggcctcc aacaccttca 240
attccagcag cctccttgag ctagacctct cctacaacca gctgcagaag atccccccag 300
tcaacaccaa cctggagaac ctctacctcc aaggcaatag gatcaatgag ttctccatca 360
65 gcagcttctg caccgtggtg gacgtcgtga acttctccaa gctgcagggt ctgcgcctgg 420
acgggaacga gatcaagcgc agggcatgcc tgccgacgcg cccctctgcc tgcgccttgc 480

```

```

cagcctcatc gagatctgag cagccctggc accgggtact gggcggagag ccccggtggc 540
atgttgcttg atgttttggg ttggcttttg ctggaagggt caggatggac catgtgacag 600
aagtcacagg gcacctctg tagtctctt tcctgtagggt ggggttaggg ggggcgatca 660
gggacaggca gccttctgct gaggacatag gcagaagctc actcttttcc agggacagaa 720
gtggtggtag atggaaggat ccctggatgt tccaaccca taaatctcac ggctcttaag 780
ttcttcccaa tgatctgagg tcatggaact tcaaaagtgg catgggcaat agtatataac 840
catacttttc taacaatccc tggctgtctg tgagcagcac ttgacagctc tccctctgtg 900
ctgggctggg cgtgcagtta ctctgggctc ccatttgttg ctctcaaaa tatacctctt 960
gcccagctgc ctcttctgaa atccacttca cccactccac ttctctccac agatgcctctt 1020
tctgtgcctt aagcagagtc aggagacccc aaggcatgtg agcatctgcc cagcaacctg 1080
tggagacaac ccacactgtg tctgaggggt aaaggacacc aggagtcact tctatacctc 1140
cctaacctca cccctggaaa gccaccagat tggaggtcac cagcatgatg ataataattc 1200
tgacctgatg tgggaggaga cagccaacct caggcttaga tcaatgtata gggctatatt 1260
ttggcagctg ggtagctctt tgaaggtgga taagacttca gaagaggaaa ggcagactt 1320
tgcttaccat cagcatctgc aatgggcaa acacacctca aattggctga gttgagaaag 1380
cagccccagt agttccattc ttgccagca ctttctgcat tccaaacagc atcctacctg 1440
ggtttttata cacaaaggta gggccacat ggttttttaa gtatgagaaa cacagtttgt 1500
cctctccttt tatccaagca ggaagattct atatcctgat ggtagagaca gactccaggc 1560
agccctggac ttgctagccc aaagaaggag gatgtgggta atctgtttca cctggtttgt 1620
cctaaggcca tagttaaaaa gtaccagctc tggctggggg tcacatctct caggccaggc 1680
agccaaatct tgctgtgct gggcatacaa cctctgctt tcacatctct gagctatatc 1740
ctcattagtg aagtggtgct ttgctttata gtttggctgg ggagcactta attcttccca 1800
tttcaaaagg taatgttgcc tggggcttaa cccacctgcc ctttgggcaa ggttgggaca 1860
aagccatctg ggcagtcagg ggcaaggact gttggaggag agttagccca agtataggct 1920
ctgcccagat gccatcacat ccctgatact gtgtatgctt tgaagcacct tccctgagaa 1980
gggaagaggg gatcttttga ctacgttctt ggctccagac ctggaatcca caaaagccaa 2040
accagctcat ttcaacaaag gagctccgat gtgaggggca aggctgcccc ctgcccagg 2100
gctcttcaga aagcatctgc atgtgaacac catcatgcct ttataaagga tccttattac 2160
aggaaaagca tgagtgtgg ctaacctgac caataaagtt attttatgat tgcaataaaa 2220
aaaaaaaaa aaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1365 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

5  ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
   catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
   cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccggtgcct gtggcgcaag agaaccaggg 180
   cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
10  tctgcacctg tggataggcc agcagtcctc ccgggatgag cagggggcct gtgccgtgct 300
   ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
   aatgagtcctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggt 420
   gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
   caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
15  aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
   aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
   gaggcagagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
   atccaggctc tgggccccaa gctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
20  gctgacaagg caaatgcccc ggcgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
   atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatattctgat 900
   gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
   gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgatg 1020
25  cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc 1080
   aagcaatatt tcaaggactg gaaatgaggg tggcgctctt cctgccccat gctccccctg 1140
   cccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgacagag tgccccctg 1200
   agatgttcaa taaaggagac aagtgtcttc ccagctcttt tctgcaaaa cctgccctgg 1260
30  gctgattctc actgtcacc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt 1320
   agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1597 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

accaatggcc	aggccatcgc	tgaagatgc	cggcgtcgcc	actctggcct	ggatgggtgat	60
aatgggtgat	ggcctgcaca	atttcagcga	tggcctagca	attgggtgctg	cttttactga	120
aggcttatca	agtgggttaa	gtacttctgt	tgctgtgttc	tgatcatgagt	tgccctcatga	180
attaggtgac	tttgctgttc	tactaaaggc	tggcatgacc	gttaagcagg	ctgtccttta	240
taatgcattg	tcagccatgc	tggcgtatct	tggaatggca	acaggaattt	tcattgggtca	300
ttatgctgaa	aatgtttcta	tgtggatatt	tgcacttact	gctgggttat	tcattgtatgt	360
tgctctgggt	gatatggtag	ctgaaatgct	gcacaatgat	gctagtgtacc	atggatgtag	420
ccgctggggg	tatttctttt	tacagaatgc	tgggatgctt	ttgggttttg	gaattatgtt	480
acttatttcc	atatttgaac	ataaaatcgt	gtttcgtata	aatttctagt	taagggttaa	540
atgctagagt	agcttaaaaa	gttgtcatag	tttcagtagg	tcataggagg	atgagtttgt	600
atgctgtact	atgcagcgtt	taaagttagt	gggttttgtg	atttttgtat	tgaatatgtc	660
tgtctgttac	aaagtcagtt	aaaggtaagt	tttaatat	aagttattct	atcttgagga	720
taaaatctgt	atgtgcaatt	caccgggtatt	accagtttat	tatgtaaaaca	agagatttgg	780
catgacatgt	tctgtatgtt	tcagggaata	atgtctttta	tgctttttca	agaactaaca	840
cagttattcc	tatactggat	tttaggtctc	tgaagaactg	ctgggtgtta	ggaataagaa	900
tgtgcatgaa	gcctaaaaata	ccaagaaagc	ttatactgaa	tttaagcaaa	gaaataaagg	960
agaaaagaga	agaatctgag	aattggggag	gcatagattc	ttataaaaaat	cacaaaaattt	1020
gttgtaaatt	agaggggaga	aatttagaat	taagtataaa	aaggcagaat	tagtatagag	1080
tacattcatt	aaacattttt	gtcaggatta	tttcccgtaa	aaacgtagtg	aggcactttt	1140
catatactaa	tttagttgta	catttaactt	tgtataatac	agaaatctaa	atataatttaa	1200
tgaattcaag	caatatatca	cttgaccaag	aaattggaat	ttcaaaatgt	tcgtgcgggt	1260
atataccaga	tgagtacagt	gagtagtttt	atgtatcacc	agactgggtt	attgccaagt	1320
tatatatcac	caaaagctgt	atgactggat	gttctgggta	cctgggtttac	aaaattatca	1380
gagtagtaaa	actttgatat	atatgaggat	attaaaacta	cactaagtat	catttgattc	1440
gattcagaaa	gtactttgat	atctctcagt	gcttcagtgc	tatcattgtg	agcaattgtc	1500
ttttatatac	ggtactgtag	ccatactagg	cctgtctgtg	gcattctcta	gatgtttctt	1560
ttttacacaa	taaattcctt	atatcagctt	gaaaaaa			1597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

5 cgggcgcggc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccgagt cccgaggata 60
 aagcttgggg ttcattcctcc ttccctggag cccgagtcctc gtccctcaggc ttcccccaatc 120
 caggggactc ggcgccggga cgctgctatg gacgacattt tcaactcagtg ccgggagggc 180
 aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccagggggac 240
 gatcatggct tctccccctt gcaactgggc tgccgagagg gccgctctgc tgtgggtgag 300
 atgttgatca tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtgggggatga cccccccctg 360
 catctggcag ccagtcagtg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
 10 gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgcccctgc actatgcctg tttttggggc 480
 caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
 tatggagaga tgcctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
 gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
 15 accaccgcga ctcgccccg aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
 cagcttaact tctgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaagggccgc 780
 tggcagggca atgacattgt cgtgaagggtg ctgaagggtc gagactggag tacaaggaag 840
 agcagggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctcaggattt tctcgcatcc aaatgtgctc 900
 20 ccagtgtatg gtgcctgcca gtctccacct gctcctcatc ctactctcat cacacactgg 960
 atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020
 agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttcct acacacacta 1080
 gagccctca tccacagaca tgcactcaat agccgtagtg taatgattga tgaggacatg 1140
 25 actgcccga ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctgg tcgcatgtat 1200
 gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260
 tcagcagaca tgtggagttt tgcagtgtct ctgtgggaac tgggtgacacg ggaggtaccc 1320
 tttgtgtacc tctccaatat ggagattgga atgaagggtg cattggaagg ccttgggcta 1380
 ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440
 30 accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca 1500
 agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg 1560
 cacctcccca aagcagcagg cctctggttg cctccccgcg ctccagtcac ggtactaccc 1620
 cagccatggg gtccatcccc ttcccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc 1680
 35 tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tccaacatg ggagggatca gccccgcctg 1740
 tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg 1780

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 892 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

aacgactcct	ggtaccttgc	tcccattact	tcccgttttc	tcgatctgct	gctcgtctca	60	
ggctcgtagt	tcgccttcaa	catgccggaa	ccagcgaagt	ccgctcccgc	gccaagaag	120	5
ggctcgaaga	aagccgtgac	taaggcgcag	aagaaggacg	gcaagaagcg	caaggcagcc	180	
gcaaggagag	ctactccgta	tacgtgtaca	aggtgctgaa	gcaggccac	cccacaccg	240	
gcatctcctc	taaggccatg	ggaetcatga	actccttcgt	caacgacatc	ttcgaacgca	300	
tcgcgggtga	ggcttcccgc	ctggcgcat	acaacaagcg	ctcgaccatc	acctccagg	360	10
agatccagac	ggcgtgctgc	ctgctgctgc	ccggggagtt	ggccaagcac	gccgtgtccg	420	
agggcaccaa	ggcgtcacc	aagtacacca	gcgctaagta	aacttgccaa	ggagggactt	480	
tctctggaat	ttcctgatat	gaccaagaaa	gcttcttata	aaaagaagca	caattgcctt	540	
cggttacctc	attatctact	gcagaaaaga	agacgagaat	gcaaccatac	ctagatggac	600	15
ttttccacaa	gctaaagctg	gcctcttgat	ctcattcaga	ttocaaagag	aatcattttac	660	
aagttaattt	ctgtctcctt	ggtccattcc	ttctctctaa	taatcattta	ctgttccctca	720	
aagaattgtc	tacattaccc	atctcctctt	ttgcctctga	gaaagagtat	ataagcttct	780	
gtaaccctc	ggggggttg	ggtaatatc	tgtggctctc	agccctgtac	cttaataaat	840	20
ttgtatgct	tttctcttaa	aaaaaaaaag	gagggaagaa	ggaagaggat	gc	892	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 992 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

ctctcgcgag	gattggctgt	tagcggcggt	gtagttaagc	tcgtgtaacg	gcgggcggtgt	60	55
cggcagctgc	tgtagcgaag	agagtttggc	gcgatgtctc	acaccatttt	gctgggtacag	120	
cctaccaaga	ggccagaagg	cagaacttat	gctgactacg	aatctgtgaa	tgaatgcatg	180	
gaagggtgtt	gtaaaatgta	tgaagaacat	ctgaaaagaa	tgaatcccaa	cagtccctct	240	
atcacatatg	acatcagtca	gttgtttgat	ttcatcgatg	atctggcaga	cctcagctgc	300	60
ctggtttacc	gagctgatac	ccagacatac	cagccttata	acaaagactg	gattaaagag	360	
aagatctacg	tgctccttcg	tcggcaggcc	caacaggctg	ggaaataatt	gtgttggaag	420	
cactcggggg	gttgggggtg	gcttggaaca	cagggtgtga	cagcgtgctg	tagtggaagt	480	
tttgtatcat	agtaatcctg	tttccacttt	gttatactct	agccaagatt	gactgtatta	540	65

gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccggt acctcctott tttctttctc 600
 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
 tcaacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720
 5 taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
 aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
 gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
 tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcaacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
 10 ttcccacatc tatcagtggg gataatgcct ag 992

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 20 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

gggcgccccg aaggtcagcg tgtgaagtag ggcgtggcaa cgcgggggta cccgctgtta 60
 ttgaggagta acggcccagc ggaccacca ggcttgaggc agcggcgga accactcggg 120
 50 ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
 cggctttttc ggagccggcg gagcaggta ctgcacgcg gatitggctg gcgtcccgt 240
 aactggatatg aaccctctgt ctcttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
 tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
 cttctttacg attggaggat gttgcattgac aggggctgcg tttgggtgca tgaatggct 420
 55 tcgggctagga ttgaaggaaa cccagaacat ggcttggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480
 tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaact actctagggt ctctggcttt 540
 gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
 cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggt gtcttcgagg 660
 60 gatagcacga ggtgggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
 ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaaactcat 780
 gaatggagga cacttcagta gtcattctaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
 ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900
 65 cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
 ctttggtgac tcaactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg 1020
 ttttctctcc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggctc tgcttggtag 1080

tactatatca ccaagtccat tcattttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
 aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

ggcttaggcc	cagccccctg	cctccccctcc	cttccccccag	gtataagagc	tgagctcagg	60	40
tgagctggct	cctcctgtct	tgtctcagcg	gctgccaaca	gatcatgagc	catcagctcc	120	
tctggggcca	gctataggac	aacagaactc	tcaccaaagg	accagacaca	gtgagcacca	180	
tgggacagtg	tcggtcagcc	aacgcagagg	atgctcagga	attcagtgat	gtggagaggg	240	
ccattgagac	cctcatcaag	aactttcacc	agtactccgt	ggaggggtggg	aaggagacgc	300	
tgaccccttc	tgagctacgg	gacctggtca	cccagcagct	gccccatctc	atgccgagca	360	45
actgtggcct	ggaagagaaa	attgccaaac	tgggcagctg	caatgactct	aaactggagt	420	
tcaggagttt	ctgggagctg	attggagaag	cggccaagag	tgtgaagctg	gagaggcctg	480	
tccgggggca	ctgagaactc	cctctggaat	tcttgggggg	tgttggggag	agactgtggg	540	
cctggagata	aaacttgtct	cctctaccac	caccctgtac	cctagcctgc	acctgtcctc	600	50
atctctgcaa	agttcagctt	ccttccccag	gtctctgtgc	actctgtctt	ggatgctctg	660	
gggagctcat	gggtggagga	gtctccacca	gagggaggct	caggggactg	gttggggccag	720	
ggatgaatat	ttgagggata	aaaatttgtt	aagagccaaa	gaattggtag	tagggggaga	780	
acagagagga	gctgggctat	gggaaatgat	ttgaataatg	gagctgggaa	tatggctgga	840	55
tatctggtac	taaaaaaggg	tctttaagaa	cctacttcc	aatctcttcc	ccaatccaaa	900	
ccatagctgt	ctgtccagtg	ctctcttcc	gcctccagct	ctgccccagg	ctcctcctag	960	
actctgtccc	tgggctaggg	caggggagga	gggagagcag	gggtggggga	gaggctgagg	1020	
agagtgtgac	atgtggggag	aggaccagct	gggtgcttgg	gcattgacag	aatgatgggt	1080	60
gttttgtatc	atttgattaa	taaaa				1105	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2006 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

tgcgagccga ggcgcgcgagc aagatggcgg cgcgagtgct gcgcgcccgc ggaggcgctg 60
ggcgggcggc ctcctgcagc gggcgggccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
35 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtagctt tgggtggggac 360
40 ttggaacacg tggatatggc agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaataa tatgaactca ggtcttacca 600
45 actccgacca ggaaccatga ttgaatggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggg aacgaagccg tcggaggatt ctctctcag attgggcagc tgtacatggg 720
gcaccattct tgggcttaca gggatcttca gaccaggga gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtttctat 900
50 gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt1080
ccttgtcgtc ctctttgaaa caccctgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac1140
55 ttctccccac cctccagaag ggggtccagt tgaattctga atcatcttga aaataagatt1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacaaaaaaa caaatctgtt1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaal380
60 taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
65 gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaataatatt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gtcgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aatgaacaa1860

```

ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
 aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac 2006

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

ccggaaccag	aactggaatc	cgcccttacc	gcttgcctgcc	aaaacagtgg	gggctgaact	60
gacctctccc	ctttgggaga	gaaaaactgt	ctgggagctt	gacaaaggca	tgaggagag	120
aacaggagca	gccacagcca	ggaggagag	ccttcccca	gcaaacaatc	cagagcagct	180
gtgcaaacia	cggtgcataa	atgaggcctc	ctggaccatg	aagcgagtcc	tgagctgcgt	240
cccggagccc	acgggtggtc	tggtgcccag	agcgctctgc	atgctggggc	tggtcctggc	300
cttgcctgct	tccagctctg	ctgagggagta	cgtgggcctg	tctgcaaacc	agtgtgccgt	360
gccagccaag	gacagggtgg	actgcggcta	cccccatgtc	acccccaagg	agtgcacaa	420
ccggggctgc	tgctttgact	ccaggatccc	tggagtgcct	tggtgtttca	agcccctgca	480
ggaagcagaa	tgcaccttct	gaggcacctc	cagctgcccc	cggccggggg	atgcgaggct	540
cggagcacc	ttgcccggct	gtgattgctg	ccaggcactg	ttcatctcag	cttttctgtc	600
cctttgctcc	cggcaagcgc	ttctgctgaa	agttcatatc	tggagcctga	tgtcttaacg	660
aataaaggtc	ccatgctcca	cccaggagca	gttcttcgtg	cctgagactt	tctgagggtg	720
tgctttatct	ctgctgcgtc	gtggacagcg	ggagggtgtc	aggggagagt	ctgcccaggc	780
ctcaagggca	ggaaaagact	ccctaaggag	ctgcagtgc	tgcaaggata	tttt	834

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

```

cgggaaacggg gcggaacggg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacggtgt tcaactgaa gcgcacgctc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcacgag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
35 caagaggccc atttccccca ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tccttgggat gggctccact ccctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgctgtcct gtctccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggccca 600
gcctgctgct taaaggcacc atggggacct gggttgccct cagacccaag ccattgttag 660
40 cagctagcca gccacaccaa ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct 765

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 779 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttctctct ggtcggcgcc tgcagcgggg 60
 tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
 gatgcgctgg agaacctgac cgcggaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
 gtgccgctgc gcgagggcta cgggcgcac cgcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240
 ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
 gctaactgtc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
 caccagggct ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctctcagtc ggcagccaag 420
 ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggt cacaacggt 480
 gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
 cgggccgagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
 aactggacct gcaaggactt gctcctccag gccctaagg agtcccagtc ctacctggtg 660
 gaggacctgg agcggagctg aggtccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
 cccaccaaat catcctgaat ctgatctttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatatgg tttcagaaaa 60
 aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
 tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggac 180
 caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaatc tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
 agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
 gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggtatt aagctcatca tggattttct 360
 gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaca 420

```

gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctccggcaata 480
cggttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttggttag agtgaacacc aagtgaataat 540
5 tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttgggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgcctct gacgtctggt cttttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttcct gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgccctgccgt gccaccta 840
10 ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt taaaataag aagcatgaat 960
aacatttaaa ttccacagat tatcaagtcc ttctcctgca acaaatgcc aagtcatttt1020
ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcatactt1080
15 cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttcctctt1140
taaatttggg accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt1200
aagcactcct ccttgtggaa agaataatacc accatttcat ctggctagtt caccatcacal260
actgcattac caaaagggga tttttgaaaa cgaggagtgt accaaaataa tatctgaaga1320
20 tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga1380
taaagaaaga ttgatggact tagcctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg1440
cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaaa atgactgtat1500
tctctcacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttcctttggg1560
25 tgatcactag caccattttt tgagaaagct ggttctacat ggggggatag ctgtggaata1620
gataatttgc tgcattgttaa ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttccta1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag1860
30 ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatca1920
ccctgtggtg caacacttga aagaccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgtttagt cattgattca2040
atgtgaacga ttacggctct tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta2100
35 gtattcgttt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagtg2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaataaaa tatactaaag2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaag ggggaag 2327

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

ccgggattgg	ctgcgggcct	cgcgaccctc	ctgcttccct	ccccgccccg	cgccgcctct	60	5
ctgggtttgtg	cgcccgtcgc	aggtcgaggg	cctctttgtc	agctggagtt	gcgcgggctg	120	
acgcgccact	atgtagcggg	tttcggggcg	gccacgcgtg	cgggacagga	acccaacccc	180	
agccgacctt	gagctccagg	agttcgcttc	ttacgtctgc	ggaagtgcag	ctgcctcagt	240	
tcttagcgca	ggttgacaac	tacaggcaca	agccattgaa	gctggaatgt	cctgttgctg	300	10
gtatttcaat	tgacttaagc	caactatccc	ttcagttaca	ataggaaaagt	gcctctaata	360	
aggccaaata	tgcgtaacta	cttgtagcaa	ccacgtgtcc	gtgcagtgcc	acaggagcta	420	
gagcagtgac	aatgctgggt	gcaacagggc	agtgtagcag	gtgcttcattg	ttcacctttt	480	
caaccttttc	atttaattgt	cacaactcgg	aggtggattc	tgtaggggac	aggctgcccc	540	
aggaccactc	cgcccccgct	aactcaatgc	agctgaccct	tacctgaat	actctgcagc	600	15
tgcatctctg	aaccgttata	taggcgctat	agcaaggcca	ccagacttgc	tacaccgaag	660	
ccctctgggt	ggcacggggg	aggtcatgag	aaacgtggat	tacacccctt	tgtaaattcc	720	
tattttcaca	agataatata	ttgtaagccg	gtcatgagat	tatatgtggt	aaagttaatt	780	
gactaacaac	cccagggtct	ctctccccc	tataaacccc	tcattttgta	agctcagggc	840	20
tgccacctcc	gactggtgga	gaagcctggc	aggtaataaa	acttacttgg	cctgaaaagg	900	
gaaaagcaag	a					911	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

ccccagcgctc	cggccaggat	actgcgagta	tgccggcgctc	aaaggtgaag	caggacatgc	60	
ctccgcccggg	gggctatggg	cccatcgact	acaaacggaa	cttgccgcgt	cgaggactgt	120	
cgggctacag	catgctggcc	atagggtattg	gaaccctgat	ctacgggcac	tgagcataa	180	60
tgaagtggaa	ccgtgagcgc	aggcgccctac	aaatcgagga	cttcgaggct	cgcatcgcg	240	
tggtgccact	gttacaggca	gaaaccgacc	ggaggacctt	gcagatgctt	cgggagaacc	300	
tgaggaggga	ggccatcatc	atgaaggacg	tgcccagctg	gaaggtgggg	gagtctgtgt	360	
tccacacaac	ccgctgggtg	cccccttga	tcggggagct	gtacgggctg	cgcaccacag	420	65

aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtggtacac gtaggccttg tgccctccgg 480
 ccacctggat ccctgcccct cccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
 aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtgggccc ccgta 595

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 886 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
 cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtcacta 120
 gcaactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
 gtcacaagct acctaactaa gaagtttgct gaactacgca gcccgaatga gttcaagggtg 240
 tacatggggc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
 gggagaagag ccatgaagac agtttttggt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
 agtatccccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
 gtgggggtcag cggatgacgg agccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
 atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
 gccaaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaatcc tgccctcacc tcacctttt 600
 ccaacttgcc cagggaagtg gaggttcctt ctttcctttc cctcttgta ggtcatccat 660
 gacttttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccaag ggtggagcta cccgttgggc 720
 ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
 tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagttctgg 840
 ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26 : 25

```

ccttagtact gcggcctgt gggtagattg gctgccggtg agttgggtgc cggtaggagtc 60
gtgttggtcc tcagaatccc cgcgtagcgc tgcctcctcc taccctcgcc atgtttctta 120
cccggtctga gtacgacagg ggcgtgaata ctttttctcc cgaaggaaga ttatttcaag 180
tggaatatgc cattgaggct atcaagcttg gttctacagc cattgggagc cagacatcag 240 30
aggggtgtgtg cctagctgtg gagaagagaa ttacttcccc actgatggag cccagcagca 300
ttgagaaaaat tgtagagatt gatgctcaca taggttgtgc catgagtggg ctaattgctg 360
atgctaagac ttttaattgat aaagccagag tggagacaca gaaccactgg ttcacctaca 420
atgagacaat gacagtggag agtgtgaccc aagctgtgtc caatctggct ttgcagtttg 480 35
gagaagaaga tgcagatcca ggtgccatgt ctcgtccctt tggagtagca ttattatttg 540
gaggagtga tgagaaagga cccagctgtt ttcatatgga cccatctggg acctttgtac 600
agtgatgatgc tcagcaatt ggctctgctt cagagggtgc ccagagctcc ttgcaagaag 660
tttaccacaa gtctatgact ttgaaagaag ccatcaagtc ttcactcatc atcctcaaac 720
aagtaatgga ggagaagctg aatgcaacaa acattgagct agccacagtg cagcctggcc 780 40
agaatttcca catgttcaca aaggaagaac ttgaagaggt tatcaaggac atttaaggaa 840
tcctgatcct cagaacttct ctgggacaat ttcagttcta ataatgtcct taaattttat 900
ttccagctcc tgttccttgg aaaatctcca ttgtatgtgc attttttaaä tgatgtctgt 960
acataaaggc agttctgaaa taaagaaaat tttaaaatta aaaaaaaa 1008 45

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 50

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaa aaccgcctgg tcttgggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gtagccggtc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
15 ggttcaggcc cttataaaag tgaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccacct 240
gcccattttt gtaaaactgc agtcatcttg gaccttttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
20 gataatgctt tcttttccag tctgtcttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaatt tttctgtgag cacactaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atttgttgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggtctta ggtaattttt 660
25 taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttatt gtatctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
30 acctaaagact atttaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
gggtccagaaa caaattttta actgagtgcg agtctataga atccatactg cagatgggtc1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatggtgta ttacctgcta ttgtaattgc1080
ttagtgtctg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacagggtt1140
tatgtaacaa agtaatgggt ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt1200
35 ttaagcatcc tttttttttg aaagtgttga aagtgtgtta gcatcttggt actcaaaggat1260
taagacagac aataatactt cactgaatat taataatctt tactagttaa cctcctctgc1320
tctttgcccac ccgataactg gatattcttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt1380
taagatatgt atcaaaaaaca ttatttccatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc1440
40 agtgtgcagt ttaggggttca tgataaatca ttgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgccal500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cagcattctt taattggaat1560
aatggatcaa aaatagtggg tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatcaal620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttgga ggatgtttgal680
45 aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaaagg actgatttat ggtctttcc tatcttaacc1740
aacgttttct tagttacctg gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgttagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tgttctttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggtattga tggagttggg ggattttcct1980
50 ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agttttgtac atcatgtttt2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataaaggc atttgcctgt gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcatttgat2220
55 ccaattccta ttgcttgtaa aataaagitt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3448 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

tgtggggccac	tgtggtagt	gaggtgggg	gtttgggagg	ctgcggtgcc	gtcaagaaga	60
aaaaggtttg	cattctcaca	ttgccaggat	gataagttcc	tttccttttc	tttaaagaag	120
ttgaagttta	ggaatccttt	ggtgccaact	ggtgtttgaa	agtagggacc	tcagagggtt	180
acctagagaa	caggtgggtt	ttaagggtta	tcttagatgt	ttcacaccgg	aaggttttta	240
aacactaaaa	tatataat	atagttaagg	ctaaaaagta	tattttattgc	agaggatgtt	300
cataaggcca	gtatgattta	taaatgcaat	ctccccctga	tttcttctgc	ctttgatgtt	360
acagatttaa	tacagtttat	ttttaaagat	agatcctttt	ataggtgaga	aaaaaacaat	420
ctggaagaaa	aaaaccacac	aaagacattg	attcagcctg	tttggcggtt	cccagagtca	480
tctgattgga	caggcatggg	tgcaaggaaa	attagggtac	tcaacctaa	ttcgggttccg	540
atgaattctt	atccccctgc	ccttccttta	aaaaacttag	tgacaaaata	gacaatttgc	600
acatcttggc	tatgtaattc	ttgtaatttt	tatttaggaa	gtgttgaagg	gaggtggcaa	660
gagtgtggag	gctgacgtgt	gaggaggac	aggcgggagg	aggtgtgagg	agccccaaca	720
acttcctgtc	ctactaccgc	ctcacacgct	tcctctccag	agtgatcaag	tgtgaccggg	780
actgcctccg	ggcctgccag	gagcagatcg	aagccctgct	ggagtcaagc	ctgcccagg	840
cccagcagaa	catggacccc	aaggccggcg	ggaggaggga	aaaggaggag	gaggagggtg	900
acctggcttg	cacaccacc	gacgtgcggg	acgtggacat	ctgagggcgc	caggcaggcg	960
ggcgccaccg	ccaccgcag	cgaggggcga	gccggcccca	ggtgctcccc	tgacagtccc	1020
tcctctcccg	agcattttga	taccagaagg	gaaagcttca	ttctccttgt	tgttggttgt	1080
tttttccttt	gctctttccc	ccttccatct	ctgacttaag	caaaagaaaa	agattaccal	1140
aaaactgtct	ttaaaagaga	gagagagaaa	aaaaaaatag	tatttgcata	accctgagcg	1200
gtgggggagg	agggttgtgc	tacagatgat	agaggatttt	ataccccaat	aatcaactcg	1260
tttttatatt	aatgtacttg	tttctctgtt	gtaagaatag	gcattaacac	aaaggaggcg	1320
tctcgggaga	ggattaggtt	ccatccttta	cgtgtttaaa	aaaaagcata	aaaacatttt	1380
aaaaacatag	aaaaattcag	caaaccattt	ttaaagtaga	agagggtttt	aggtagaaaa	1440
acatattctt	gtgcttttcc	tgataaagca	cagctgtagt	ggggttctag	gcatctctgt	1500
actttgcttg	ctcatatgca	tgtagtcact	ttataagtca	ttgtatgtta	ttatattccg	1560
tagtagatgt	gtaacctctt	caccttattc	atggctgaag	tcacctcttg	gttacagtag	1620
cgtagggggg	ccgtgtgcat	gtcctttgcg	cctgtgacca	ccaccccaac	aaacctccal	1680
gtgacaaacc	atccagtgga	ggtttgtcgg	gcaccagcca	gcgtagaggg	tcgggaaagg	1740
ccacctgtcc	cactcctacg	atacgctact	ataaagagaa	gacgaaatag	tgacataata	1800
tattctattt	ttatactctt	cctatttttg	tagtgacctg	tttatgagat	gctggttttc	1860
taccaaacgg	ccctgcagcc	agctcacgtc	caggttcaac	ccacagctac	ttggttttgt	1920
ttcttcttca	tattctaaaa	ccattccatt	tccaagcact	ttcagtcгаа	taggtgtagg	1980
aaatagcgct	gtttttgttg	tgtgtgcagg	gagggcagtt	ttctaattga	atggtttggg	2040
aatatccatg	tacttgtttg	caagcaggac	tttgaggcaa	gtgtgggcca	ctgtggtggc	2100

```

agtggaggtg ggggtgttgg gaggctgcgt gccagtcaag aagaaaaagg tttgcattct2160
cacattgccca ggatgataag ttcccttctcct tttcttttaaa gaagttgaag tttagggaatc2220
5 ctttgggtgcc aactgggtgtt tgaaagtagg gacctcagag gtttacctag agaacaggtg2280
gtttttaaagg gttatcttag atgtttcaca ccggaagggtt tttaaacact aaaatatata2340
atztatagtt aaggctaaaa agtatattta ttgcagagga tgttcataag gccagtatga2400
tttataaatg caatctcccc ttgatitaaa cttctgcct ttgatgttac agatttaata2460
10 cagtttattt ttaaagatag atccttttat aggtgagaaa aaaacaatct ggaagaaaaa2520
aaccacacaa agacattgat tcagcctgtt tggcgtttcc cagagtcac tgattggaca2580
ggcatgggtg caaggaaaat tagggtagtc aacctaagtt cggttccgat gaattcttat2640
ccctgcccc ttcttttaaa aaacttagtg acaaaataga caatttgcac atcttggcta2700
tgtaattctt gtaattttta tttaggaagt gttgaaggga ggtggcaaga gtgtggaggc2760
15 tgacgtgtga gggaggacag gcgggaggag gtgtgaggag gaggctccc aggggaaggg2820
gcggtgccca caccggggac aggcgcagc tccattttct tattgcgtg ctaccgttga2880
cttccaggca cggtttggaa atattcacat cgcttctgtg tatctcttc acattgtttg2940
ctgctattgg aggatcagtt ttttgtttta caatgtcata tactgcatg tactagtttt3000
20 agttttctct tagaacattg tattacagat gccttttttg tagttttttt tttttttatg3060
tgatcaattt tgacttaatg tgattactgc tctattccaa aaaggttgct gtttcacaat3120
acctcatgct tcacttagcc atggtggacc cagcgggcag gttctgcctg ctttggcggg3180
cagacacgcg gcgcgatcc cacacaggct ggcggggggc ggccccgagg ccgcgtgcgt3240
25 gagaaccgcg ccggtgtccc cagagaccag gctgtgtccc tcttctcttc cctgcgcctg3300
tgatgctggg cacttcatct gatcgggggc gtagatcata gtagttttta cagctgtgtt3360
attctttgcg ttagctatg gaagttgcat aattattatt tatattataa caatgtgtct3420
acgtgccaca gggcgttgta ctgtagga 3448

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1574 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgcgttg ggtcgcgaac 120
agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240
aggccgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300

```

```

ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatgggt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgccgccc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960
gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca 1020
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc 1080
aggaagtctg gctggcaaat ggggccgccc agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg 1140
gcccagtcct ctatccccc cctaaaaaga ccaagcattg atgcccaagt tttggaaata 1200
ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaa 1260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttccct ccatgcctgt gaattgggtg ttgtgggtccc 1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc 1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcggga ttgtttaggg ttttttctct gttaaactct 1440
tcagtccccg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacaggtggc accggttcag 1500
ggggactccg ctgggcggag gttttcccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg 1560
ggccctggga aggc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3070 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtg tttaatcggt tctgtttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60
ggtgtgtgtg ccgctgccgc gcgaccgcc agcctcgta gcctgcgcag ccctcacag 120
gaggcccgag ccgagtgcag tccagaagcc ccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccggt tgtttgttgg agtgggtgcc 240

```

```

5  ggtactgggtt ttggagaact tgtctacaac cagggtattga ttttaaagat gtctttttttt 300
   attttacttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt tttttctccc ctccccacag 360
   atcccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
10 cttcttctctc tgccttggtt ctctttttatt ttttattttt tgcgcatcagt attaatgttt 480
   ttgcatactt tgcactctta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
   ccataatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
   aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatgggtg 660
15 aaaggctctt tttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcaggt 720
   ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780
   ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840
   tttcacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgattaa gtagaactac aagttgtata 900
   ggcttttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960
20 ggggtgttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaa1020
   gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcactcttg accttttaaa1080
   acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaaat ggttactgtt tatactgtgg1140
   tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200
25 aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatatc1260
   tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaattgc1320
   tattaacttc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa1380
   atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
   taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcatgccat caggagtaaa ttttattgtg1500
30 gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
   aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttca1620
   ttaagaattt gaacataatt atttttattg tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt1680
   tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaattgc ttatgagaaa atttcataaa1740
   gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaatttttaa ctgagtgaga gtctatagaa1800
35 tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaattgtt ttcaaaaatt gatgggtgat1860
   tacctgctat gttaattgct tagtgctttg ctaattttcca aattattgca taatatgttc1920
   taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaattgggt tgaatggatg atgtcagttc1980
   atgggccttt agcatagtgt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
40 tcttggttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa tgaatattac2100
   tagtttacct cctctgctct ttgccaccg ataactggat atcttttctt tcaaaggacc2160
   ctaactgat tgaattttaa gatattgtatc aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg2220
   ttttgctgtt tttagcagc gtgcagttta gggttcatga taaatcattg aaccacatgt2280
45 gtaacaactg aatgccaaat cttaactca ttagaaaaat aacaaattag gttttgacac2340
   gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt2400
   gctactaata aaatcaaaata acacttagaa gggtatgtat ttttagttag ggtttcttga2460
   tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtta ccaaaggact gatttatggg2520
50 tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgccctgg2580
   atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640
   aaaatcctgt tagcaaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
   attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg2760
   agttgggtgga ttttctctca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
55 tttgtacatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880
   aatagctttg agattaagga aaaataaata actcttgtac agttcagtat tgtctattaa2940
   atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtgggt acaaaaatact tcctctgggt3000
   tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaat aaagttttac cagttgatat3060
   aaaaaaaaaa 3070

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

25

tggggctgga	gtgcactagt	ctttttgctt	ggtagttttg	catggtttag	ggtaaaaaat	60
aattccgaag	atacaccagc	tcacaaatga	aaacgtcagc	ctctgcgcca	ccctccctcc	120
tgcccaaagt	gaatttggtg	ctcagaaaag	aactgtttat	accactcacc	tttctcccag	180
catgtactca	ctgtgggcag	atgcaccaat	acatggtaat	cctcttactc	attttaagac	240
gtaggaaact	caatattctt	ctctaaccat	atacgatagg	gctcttcgct	tttaatgata	300
tctgggattt	ctgtggaact	tggcaaat	tcagagcacc	ttcactcaca	taatgtcatt	360
tgaacctcac	aatgttcttg	ggatggagtc	agttgttcag	ggccccgtg	tgtgtgataa	420
gcagtgcctg	ctggctgtct	tcagaactct	tggaaatctt	tacacatgcg	agtgtctaac	480
actttgagca	aggctgcctt	cttgtagatg	acttgctgtt	ctttatgaca	gggatcagtg	540
gcatttggtt	cctagcagta	tttagcacct	ttttgccacc	ttggtgaaca	gaaaattgta	600
ttttcctgtc	tttcatggct	gaaaacaaaa	gtaatgggaa	ttttaaatat	gtttgcagaa	660
actgcccctc	ccctcattga	gggtcactgc	tcaagagtgc	aggagtggac	tctccactga	720
tgggtctccc	tccccatcct	ggtttccacc	ccgggctggc	tagctctgtt	ggtttgaaga	780
ctgacagcca	gcctggctca	ttctcattat	tggctagtta	gctttcttta	tcaacctgct	840
cactcacaaa	tgtgtgccct	cagccagaga	gtaagaaagc	ccaaatctgt	tacagcttct	900
aaaaaaatag	atttctaatt	tgtctactc	atgttaggag	cattatcttt	gaaggtaaaa	960
catagtgtat	cattgtgtaa	actcccaggc	ttgatgtagc	agaagagatc	atttctggag	1020
gcttcagcaa	tggaatttag	cattataaga	gagattggac	aaaccagtc	aaagtggctcc	1080
gagttcttaa	atccaggtag	ggaactcact	cttctttctt	ctctggacct	aattgggcat	1140
tgggcttttag	tgagaccaca	gaccaggccc	gtctctcctg	taggctttta	attcaatggc	1200
aactctat	caaagaataa	aagccttttg	agagttgcgg	cagttctggg	ggcgggtcal	1260
ggagagtcca	tagatcagcc	gtaactggaa	cgtagaatct	acgtctgcct	ctgaatggac	1320
ttcccacctc	ctctctcttg	ctctgatgct	tgcctctggg	cctctccatg	cccaagggtg	1380
tctttcatcc	ttgacaggct	ggtaatgtgc	tggccacctc	cagctcctgc	atcgagtctg	1440
taaaccagag	ctggttctca	tggccttcgt	cacgatacca	ggatacggag	gggagcccag	1500
ggccatccat	acccacccca	gggtaacggg	gctggcctgg	cattagtcat	tatttagttt	1560
ccaggccaac	catccagata	gagattccct	ctttcctttg	agcagtgtct	tcaagagctc	1620
cgtgcctgtc	cacaatgacc	tagagtgcac	cctgtctcatt	gtcagtgtag	cccctcgccc	1680
ctatatctat	ccaggatact	tggaaagtgc	aaaataggaa	gggattcggc	tttcaacttt	1740
gctaccatct	tccctgaagc	aggaaaaatga	acatggactt	aaatgttctt	tgaaaaaacc	1800
aaagtttttaa	gatttgcgtg	gtgatgaagt	gacagggagg	gccggagtca	gcagggtgcc	1860
gactttctgt	tctgtctgcc	atgggtttgt	ccagctcagg	tagctctagg	agcaccatcc	1920
tgccctagca	gagcccaggc	cttgccttca	tgaagcatca	ttgaaatagc	aggagcatgt	1980
tgatttcttg	gttaggttgc	attataataa	caagagtcag	aacattaatt	cgaacaactc	2040
tgcagtatgc	atttcttcac	accagtacat	tcttaagtgt	acttgtttat	aaggaataac	2100
ataaactaat	ctgtaccttt	atatatatgt	gtgtgtacat	atatacatat	ataaactgta	2160

65

tagtgtagat ggtaatgatt tattgctatg cccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220
 cgcatgccct cagccacaag cgggtgactg actgttcctt gatgatttgg ccacacctcct2280
 5 gtgtttggac ctctagggag gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa2340
 atgctcaggg tccccatgtg cctgttggtc agccctctct cttgttcctt ttctgagcat2400
 gtggtccttc cccaggctgt gggacagctg ccttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460
 gatcattact gcatgtgccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg2520
 10 catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccagctca gttacacatt aaagccagac2580
 cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttttagca ttgtgtaaa2640
 aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggg aattttctgt atatttggaa tatttggggt2700
 aaaaataaaa cagactggac ttgtttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

50 ggcggcgggg aggggggggg cggatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca 60
 gtgcccttcc cggagcgtgc cctgcgcgct gagctccctt gaacagcagc tgcagcagcc 120
 atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttacagctgg cgcccagcct ggggtgcttc 180
 gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctggg acgccggcct gcagaagccc 240
 55 tctgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctcagccatg 300
 ggggtacggct cctacctggg ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtgggt 360
 cccctgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggccccc catcttcttt 420
 ggtgcccagc aaatgggctg ggccttggtg gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcggca 480
 gcactaccgt ggcctgggtac caggtagacc cgctggccgc ccgcctgctc taccctacc 540
 60 tggcctggct ggccttcgcg accacactca actactgcgt atggcgggac aaccatggct 600
 ggcgtggggg acggcggtg ccagagttag tgcccggccc accagggact gcagctgcac 660
 cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtggg ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
 gctagtctgt cagggccttg gccagggggt cagcagagct tcagaggtgg ccccacctga 780
 65 gccccacccc gggagcagtg tctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttgggaaca 840
 tggaatttta taagctgaat aaagtttttg acttccttta aaaaaaaaaa 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 693 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

cgtccttttca	tccgggcggtt	tgctgcagc	aagatggcgg	cggtctcaat	gtcagtggta	60	
ctgaggcaga	cgttgtggcg	gagaaggga	gtggctgtag	ctgccctttc	cgtttccagg	120	35
gttccgacca	ggtcgttgag	gacttccaca	tgagattgg	cacaggacca	gactcaagac	180	
acacaactca	taacagttga	tgaaaaattg	gatataccta	ctttaactgg	cgttccagaa	240	
gagcatataa	aaactagaaa	agtcaggatc	tttgttcctg	ctcgcaataa	catgcagtct	300	
ggagtaaaca	acacaaagaa	atggaagatg	gagtttgata	ccaggagcgg	atgggaaaaat	360	40
cctttgatgg	gttgggcac	aacggctgat	cccttatcca	acatggttct	aaccttcagt	420	
actaaagaag	atgcagtttc	ctttgcagaa	aaaaatggat	ggagctatga	cattgaagag	480	
aggaaggttc	caaaaaccaa	gtccaagtct	tatggtgcaa	acttttcttg	gaacaaaaga	540	
acaagagtat	ccacaaaata	ggttggcact	gactatatct	ctgcttgact	gtgaataaag	600	
tcagctatgc	agtatttata	gtccatgtat	aataaataca	tctcttaatc	tcctaataaa	660	45
ttggaccttt	aaactacaaa	aaaaaaaaaa	aaa			693	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1054 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcggcggg aggatctcgg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
20 ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc aggggtccgc gctcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gtcacccggg acccctgca cccctacgcc 240
gtcccttggc agtcctccat gcccagtc ccgacaacggc tcgggctcgg ctctcgccgc 300
cgagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcgccctg cccatggggg ctcaggccag 360
25 gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaaagtc cctgtacccc gtctccagc gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gaccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgtgctt gctgaagtga tcaccccccg ccccagccc tgcatacaggc 540
cacaggctct ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaat 600
30 cccaggcccc ccgccaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 560
ggcattaaaa cggtgcaaat tcctttactg ttatccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa ccggtttccc gaaaaagggt ctacctcctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
35 gcacggggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgttagga 960
aaaacaggca tgacagacca ggtgagggt cgtgccagc tgggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa
1054

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

aaaaatat	gctggaaagg	acgggtgggag	gattacaggc	gtgagccact	gcgcccgccc	60	5
acattcagtt	cttatcaaag	aaataaccca	gacttaattct	tgaatgatac	gattatgccc	120	
aatattaagt	aaaaaatata	agaaaagggt	atcttaataa	gatcttaggc	aaaataccag	180	
ctgatgaagg	catctgatgc	cttcattctgt	tcagtcattct	ccaaaaacag	taaaaataac	240	
cactttttgt	tgggcaatat	gaaattttta	aaggagtaga	ataccaaatg	atagaaacag	300	10
actgcctgaa	ttgagaattt	tgatttttta	aagtgtgttt	ctttctaaat	tgctgttcct	360	
taatttgatt	aatttaattc	atgtattatg	attaaatctg	aggcagatga	gcttacaagt	420	
attgaaataa	ttactaatta	atcacaaatg	tgaagttatg	catgatgtaa	aaaatacaaa	480	
cattctaatt	aaaggctttg	caacacaaaa	gaaagaaaaa	aagaaaagaa	aagggaagg	540	15
g						541	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggtctgagg	ccattcacca	acccggcccc	caaggacgga	gcaatgttct	tccactggcg	60	50
acgtgcagcg	gaggagggca	aggactaccc	ctttgccagg	ttcaataaga	ctgtgcaggt	120	
gcctgtgtac	tcggagcagg	agtaccagct	ttatctccac	gatgatgctt	ggactaaggc	180	
agaaactgac	cacctctttg	acctcagccg	cgcttttgac	ctgcgttttg	ttgttatcca	240	
tgaccggtat	gaccaccagc	agttcaagaa	gcgttctgtg	gaagacctga	aggagcggta	300	55
ctaccacatc	tgtgctaagc	ttgccaacgt	gcgggctgtg	ccaggcacag	accttaagat	360	
accagtattt	gatgctgggc	acgaacgacg	gcggaaggaa	cagcttgagc	gtctctacaa	420	
ccggacccca	gagcaggtgg	cagaggagga	gtacctgcta	caggagctgc	gcaagattga	480	
ggcccgggaag	aaggagcggg	agaaacgcag	ccaggacctg	cagaagctga	tcacagcggc	540	
agacaccact	gcagagcagc	ggcgcacgga	acgcaaggcc	ccaaaaaga	agctacccca	600	60
gaaaaaggag	gctgagaagc	cggtgtttcc	tgagactgca	ggcatcaagt	ttccagactt	660	
caagtctgca	ggtgtcacgc	tgcgagacca	acggatgaag	ctgccaagct	ctgtgggaca	720	

gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
 acctacggag gagctggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
 gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
 5 gaggcactgg cccgggctgg tgtgctaggg ggccctgccca caccagcatc aggcccaggc 960
 ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgacct caaggacacc1020
 atcattgatg tgggtgggagc acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
 tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggccacg ggggtgtggc1140
 10 gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaa 1187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatggt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
 ctggattcta aatcgtgccc tttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
 tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaccc ttctcctcca ccaagtcctt 180
 ctacagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240
 tcttgaaaagt gatcggaag ggcagttttg gaaagggtct tctagcaaga cacaaggcag 300
 50 aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
 agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttccttg 420
 tgggccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480
 atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
 55 gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcgttt 600
 atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
 acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
 cgccggagta tctcgacact gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
 ggtggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840
 60 gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaata 900
 ttacaaattc cgcaagacac ctccctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcggc 960
 tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact1020
 gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcccc1080
 65 acgacctacg gcactttgac cccgagttta ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca1140

```

agtcacctga cagcgtcttc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag1200
gcttttccta tgcgcctccc acggactctt tcctctgaac cctgttaggg cttggtttta1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttgggtggagc cgccagctga1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctctcagtg agctcatgag gttttcattt1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gtttagagtgc cgccttagac1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggtctcc tgcagatctg1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgtagctc1620
caaagctttt cctatcgag tgtttcagtt ctttattttc ccttgtggat atgctgtgtg1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgac acagatggat tttgttataa gcatcaatgt1740
gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggaagataa1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gttaataact aaaattttatt gaaatggctt1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaagggg ttttatggac caatgcccc gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaacac cattttaatg tactgtaatt aacatggtta2160
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaacttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttggtttg caataaaacc ttgaaaaata ttttaaaaaa aaaaaaaaaa gggggcggccg2280
2281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1759 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

ggggcggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gccccccctg cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctgagatata gcgggtgctt 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtctg ctggcatggc ccttcgggtg ttgggtgctc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagacatc cgcagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaaccaccca caggtggtat ttgtgtcact 360

```

```

ttggccagtc tctaattccat gtcattccagg tgggtcatcgg ctactttcatt atgctggccg 420
taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtggtctt gggctctgct gtgggctact 480
acctagctta cccacttctc agcacagctt agctggtgag gaacgtgcag gcaactgagge 540
5 tggaggggaca tggagccccc tcttccagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctatttct ccaccttatt cccagccctt ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggagtt cggagaccat tgcagcaacc ttccttctca gccagcctac atagggccca 720
ggcatgggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
10 gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccagggagaa gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960
ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttttct cacctttctg cctttggaac1020
15 acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tatttttccc1080
attgaactcc tagttggcaa ttttgcacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagacctt tttcccttct ttggggagag1200
aataagtgc agctgattaa aggcagagac acaggactgc ttccaggctc ctggtttatt1260
ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
20 tggccgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctattta1440
ttacttactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
25 tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac ttataaaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tgggaattaa aaacaaacaa atacatttta gtaaataat aaatttttaa tagaaaaaaa1740
agaaaaaagt agcagggt
1759

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

ggtctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attatttaatt 60
aagtcacagg tgattggtcc gccctgagg ttaattctaa aagcccaggt taccgcggga 120
65 aatttatgct gtccgggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180

```

tgccgcgcttg	cgcttcgctt	cctggcctc	grrtctctggg	acatccctgg	ggctagagca	240	
ctggacaatg	gattggcaag	gacgcctacc	atgggctggc	tgactggga	gcgcttcatg	300	
tgcaaccttg	actgccagga	agagccagat	tcctgcatca	gtgagaagct	cttcatggag	360	
atggcagagc	tcatggtctc	agaaggctgg	aaggatgcag	gttatgagta	cctctgcatt	420	5
gatgactgtt	ggatggctcc	ccaaagagat	tcagaaggca	gacttcaggc	agaccctcag	480	
cgctttcctc	atgggattcg	ccagctagct	aattatgttc	acagcaaagg	actgaagcta	540	
gggatttatg	cagatgttgg	aaataaaaacc	tgcgaggct	tcctggggag	ttttggatac	600	
tacgacattg	atgccagac	ctttgctgac	tggggagtag	atctgctaaa	atttgatggt	660	10
tggtactgtg	acagtttgga	aaatttgga	gatggttata	agcacatgtc	cttggccctg	720	
aataggactg	gcagaagcat	tgtgtactcc	tgtgagtggc	ctctttatat	gtggcccttt	780	
caaaagccca	attatacaga	aatccgacag	tactgcaatc	actggcgaaa	ttttgctgac	840	
attgatgatt	cctggaaaag	tataaagagt	atcttggaact	ggacatcttt	taaccaggag	900	
agaattgttg	atgttgctgg	accaggggt	tggaaatgacc	cagatatgtt	agtgattggc	960	15
aactttggcc	tcagctggaa	tcagcaagta	actcagatgg	ccctctgggc	tatcatggct	1020	
gctcctttat	tcatgtctaa	tgacctccga	cacatcagcc	ctcaagccaa	agctctcctt	1080	
caggataagg	acgtaattgc	catcaatcag	gacctcttgg	gcaagcaagg	gtaccagctt	1140	
agacagggag	acaactttga	agtgtgggaa	cgacctctct	caggcttagc	ctgggctgta	1200	20
gctatgataa	accggcagga	gattggtgga	cctcgctctt	ataccatcgc	agttgcttcc	1260	
ctgggtaaag	gagtggcctg	taatcctgcc	tgcttcatca	cacagctcct	ccctgtgaaa	1320	
aggaagctag	ggttctatga	atggacttca	aggttaagaa	gtcacataaa	tcccacaggc	1380	
actgttttgc	ttcagctaga	aaatacaatg	cagatgtcat	taaaagactt	actttaaaat	1440	25
gtttaa						1447	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

ggagtccttc	ttgctcacc	ttgacttgg	aaaaccagtt	tctcttttat	tgtctgttac	60	
taatctctat	tctaaaaatt	cagctcaatt	ctcaaccata	ctocaaactc	tctcttttcc	120	
agctaccitt	actccctctc	cttcaattcc	actttcctct	gottactttt	tttttttttc	180	
tgacagggtc	tcactttgtc	gccggggcag	gagtgcagtg	gctcaatctt	gggctcactg	240	

5 cagcctcaac ctcccagagg cgggggtctca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
 gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
 ccgcatccgg cotcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
 10 cccacctttc ctccaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
 ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540
 agccaccgcc accaccgccc ccgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
 agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
 15 caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
 ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
 tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a 831

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

50 acgaagctga ctccctggcca ggccagcccc tggttcccta cccatacccc tgtgagcttg 60
 cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
 agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
 aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
 gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctgatgtcc 300
 ccagcaccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
 55 agctcctgga tgggtccggg aactgcctg ggcacaaggt gccaaaaggc aggcagcctg 420
 cccaggccct cctcctctgtc cctccccac attccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480
 aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 528

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1027 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

ggctttgtcc	tttgtcctg	ctccccgtgg	accatgggac	cttaaagcgt	tgcaggttcc	60	
tgatttgac	agaggtgtg	ggccttccag	gccgttacat	acctcctgcc	aattctctaa	120	30
ctctctgaga	ctgcgaggat	ctccaggcag	ggttctcacc	tctggagtct	gaccaattac	180	
ttcattttgc	ttcaaattggc	caattgtgca	gagggacaaa	gccacagcca	cactcttcaa	240	
cggttaccaa	actgtttttg	gaaattcaca	ccaaggctcg	gcccactgca	ggcagctggc	300	
acacgtggcc	cgaggggctg	tggaacgggt	cccggaaactg	tcagacatgt	ttgatttttag	360	
cgtttccttt	gttcttcaaa	tcaggtgccc	aaataagtga	tcagcacagc	tgcttccaaa	420	35
taggagaaac	cataaaatag	gatgaaaatc	aagtaaaatg	caaagatgtc	cacactgttt	480	
taaacttgac	cctgatgaaa	atgtgagcac	tgtagcaga	tgccatggg	agaggaaaag	540	
cgtatctgaa	aatggtccag	gacaggagga	tgaatgaga	tcccagagtc	ctcacacctg	600	
aatgaattat	acatgtgcct	taccagggtga	gtggtctttc	gaagataaaa	aactctagtc	660	40
cctttaaacg	tttgcccctg	gcgtttccta	agtacgaaaa	ggtttttaag	tcttcgaaca	720	
gtctcctttc	atgactttta	caggattctg	ccccctgagg	tgtaattttt	ttgttctatt	780	
tttttccacg	tactccacag	ccaacatcac	gaggtgtaat	ttttaatttg	atcagaactg	840	
ttacaaaaaa	acaactgtca	gttttattga	gatgggaaaa	atgtaaacct	atttttatta	900	45
cttaagactt	tatgggagag	attagacact	ggagggtttt	aacagaacgt	gtattttatta	960	
atgttcaaaa	cactggaatt	acaaatgaga	agagtctaca	ataaattaag	atttttgaat	1020	
ttaaaaaa						1027	

50

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttcctcca agtgataatc cagattttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttgccctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gattttttgga gagccctgat 120
20 tccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggtt aagagcatcc atcagaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acattttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
25 agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatgaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgtgttac agttcctgga gaaagataca aactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagaggtga tgttttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
30 cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat ttccaggttg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaatt 780
atgtttgcca gtttgtacaa aatttccaaa gaacactgga atccgaccat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattgga atgaatggca agcttttcga tgacctact 900
35 agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa acaaaacctc1140
40 atcagtataa tataattaaa aggccaattt tttctggcaa ctgtaaattg aaaaatata1200
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaata1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt1380
gttgcacata gatatggtag tctgctctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttca1440
45 cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaaggt1500
atcatcctta ccttctctt tgtctcacc agaaatatga tggggggaat tacctgccct1560
aaccctctcc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaaac cttaaatctc1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctggcaa agtaaaccac aattcttcag1680
50 attgttctc atgaatatcc ccttctctt gcaattctcc agagtggtaa cagatgggta1740
gaggcagctc aggtgaatta ccagcttgc ctctcaattc attcctctc ttcctctcaa1800
aggctgaagg cagggccttt ccagctctca caacctgtcc ttcacctagt cctcctgac1860
ccagggatgg aggccttgag tcccacagt tggtgatata gagcactagt tgtcactgcc1920
tggctttatt taaaggaaact gcagtaggt tctctgttag agctctgaaa aggttgacta1980
55 tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca tttaataaag tctatgtttg tattttgcct taataaaaaa2160

```

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 642 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

cgacgggccc	cgcgccctggc	gcattgcgcgc	cggcgaccac	gcctaaatag	ccgcagcctc	60
tgcgcgtcgc	cctccacggg	taccccggt	ctccgcccct	ccttctcgcg	gcgctcgagg	120
gacctggcc	gacccctcgc	tgagacagat	caagatcaag	accggcgtgg	tgaagcgggt	180
ggtcaaagaa	aaagtgatgt	atgaaaaaga	ggcaaaacaa	caagaagaaa	agattgaaaa	240
aatgagagct	gaagacgggtg	aaaattatga	cattaaaaag	caggcagaga	tcctacaaga	300
atccaggatg	atgatcccag	attgccagcg	cagggttgaa	gccgcatatt	tggatcttca	360
acggatacta	gaaaatgaaa	aagacttgga	agaagctgag	gaatataaag	aagcacgttt	420
agtactggat	tcagtgaagt	tagaagcctg	aaacttttct	cgtatggggg	ggtttttgca	480
ttaaattcctg	gggtccattt	tacaatccat	tatttttgac	caactgcta	tggtgtcaag	540
gagggatgag	gaattgtcga	ttggttttta	gctgggttaca	atataagatt	cgttttgcgta	600
atttgacaat	gcaaagaaaa	tgggggcacc	cgattaaaaa	aa		642

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

10  ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggg agagcggagg agcgggtgcc 60
    ggctgaagcg gggcggtggg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
    agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcggacagt cagggcgagc gtgggcagcg 180
    cgcacggcct gccagcccg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccg 240
15  cgcgcgcgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
    ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
    gaagcggaac gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
    ggcggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcataaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
    accgggcgcc acatctactt cagcgtggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
20  gccccctgga agatcccggc tggaacgccc agatcacctt aggcctggtc aagttcaaga 600
    accagcaggc catccagaca gtgcggggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
    cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgctgaggtc 720
    aaggcagctt cgttggtccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
25  tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
    gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
    ctacaggacat gccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
    gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct1020
30  cttaaccctt tggctttgtg ccaggcctgg aggagggcag tcccccatgg ggtgccgagc1080
    caaccctca ggaatcagga ggccagcctg gtaccaaagg gagtaccag ggcctggtag1140
    ccaggccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta1200
    aagccactc ctgggggtct cctgctgctt aggtcctttt gggaccccca cccatccagg1260
    ccctttcttt gcacacttct tccccacct ctacgcactt tccccccact gcggtgttcg1320
35  gcctgaagggt ggtgggggtg agggggggtt tggccattag catttcatgt ctttccccaa1380
    atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa
                                     1415

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60
cgactgaaac ggcgggccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg ggcggagacc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattcct cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcac gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

15

tcaccaccga	gtgatgtget	gaggcctcct	gcagtgaatg	ctccttccat	tcctgtactc	60
aggcagtgcc	attcagcaca	ggagagctct	ttttgccttt	ggctttcaat	tccaaaacat	120
gatttaattt	ctaactaaat	tagtatggca	ctagttatga	agtatctgct	taaaaccctt	180
catcatgata	tcctgtggat	ttaaaaactc	taattccatg	ttttcttccc	atctgcctta	240
tatatctcat	caccctgctt	atcaatatct	agtttgatga	gcactattaa	ctaaaatatg	300
aaacttaaaa	acaaaagcaa	gttgctctta	aaagttcttt	ttttaagtaa	attgttgaca	360
tactgcaaat	tttctatgca	aacttgccctc	ctgctgttat	ctgtgaagct	caggaaatcc	420
aaacatttgt	gtttcaacaa	gggacagtaa	actgtgtggt	tacagccaaa	agaaatgcct	480
catagttcct	aacctcaact	tttgtagaag	tatttttttc	tctgtaatat	ttttattggc	540
tcataaagat	gttttcatat	ctgaactcct	aaataagtga	aattacagta	gattatatta	600
acaaaatact	ttttaggtag	ccatgcttga	gactttttta	aaatataact	ttttccttaa	660
agttttcagc	tatagcaaaa	ggtagttatg	tatgccagac	ctaatatgag	ctgccaccaa	720
cacccttaga	actttcagcc	atggtgtcct	cagaattgta	gcgcatttct	gaatctaggc	780
aaatcctcct	tttaccogtt	gaatgttttg	aatgccttga	ctctaccagc	gcccataaat	840
gatctctagg	aagggctgtt	aggtaccaat	tctgtttttt	caactttgga	aggtaaaaac	900
cccg						904

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1239 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

10 cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggaggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
 gccttcgagg tgccttaggc cgcttgccct gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
 cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgcc 180
 gaggcccgcga aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
 attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaagggaagc tgcggcattg 300
 15 ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
 ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
 tgtgacattc ggccagaaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
 cctgtgctgt ggagtggcat tttagatgcc ctacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
 gttacattct tatgatattg cattaaatta ttccatata ttatataata ggtccttcca 600
 20 ctttttggag agtagcaaat ctagcttttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
 catcttttta cctcatattt cttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
 gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
 aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
 25 tccctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
 tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggtagaa 960
 cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg cttttagttt ctcttaatca aaattactag1020
 atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttggtg tatcgataat catttaaaag1080
 30 taaagactct gtcatgcaaa ttttaaccca tatTTTTTTT ttccctgtct ccgtgacaac1140
 cagtggttct tcatttttga tcatgcgaaa tgcattctga cccagatggg ctgcagaact1200
 tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 966 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

gccctgagga	ccctagtcca	acatggcggc	gcccagcgga	gggtggaacg	gcgtcgggcg	60
gagcttggtg	gccgcgctgc	tcttaggggc	cgtggcgctg	aggccggcgg	aggcggtgtc	120
cgagcccacg	acggtggcgt	ttgacgtgcg	gcccggcggc	gtcgtgcatt	ccttctccca	180
taacgtgggc	ccgggggaca	aatatacggt	tatgttctac	tacgcctctc	aaggagggac	240
caatgagcaa	tggcagatga	gtctggggac	cagcgaagac	caccagcact	tcacctgcac	300
catctggagg	ccccagggga	agtcctatct	gtacttcaca	cagttcaagg	cagaggtgcg	360
gggcgctgag	attgagtacg	ccatggccta	ctctaaagcc	gcatttgaaa	gggaaagtga	420
tgccctctg	aaaactgagg	aatttgaaat	gaccaaaca	gcagtggctc	acaggcccgg	480
ggcattcaaa	gctgagctgt	ccaagctggt	gattgtggcc	aaggcatcgc	gcactgagct	540
gtgaccagca	gccctgttgc	gggtggcacc	ttctcatctc	cggtgaagct	gaaggggcct	600
gtgtccctga	aaggccagca	catcactggt	tttctaggag	ggactcttaa	gttttctacc	660
tgggctgacg	ttgccttgct	cggaggggct	tgcagggtgg	ctgaagccct	ggggcagaga	720
acagaggggtc	cagggccctc	ctggctccca	acagcttctc	agttccact	tcctgctgag	780
ctcttctgga	ctcaggatcg	cagatccggg	ggcacaaga	gggtggggaa	caagtggggg	840
ctatttttgg	ggaaaaaac	ccatggttcc	cctaactttg	agccggggag	tgctttaatt	900
gggcttgaaa	cctttttttc	cggtttttcc	ccagggggcc	gtccttttaa	attaaacttg	960
agaaag						966

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 556 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

taaagctgcg	gcggcggttc	gcgtttctcg	tgcccgcttg	actgacagct	gcgcggcggg	60
agcgggcggc	gcgagcgga	ggcggcggcg	cagagcttgg	ggcttccttg	gtcgcaccca	120
ccacctgcct	gcccactggt	cagccttcag	ggacctgag	caccgcctgg	tctctttcct	180
gtggccagcc	cagaactgaa	gcgctgcggc	atggcgcgcg	cctgcctcca	ggccgtcaag	240
tacctcatgt	tcgccttcaa	cctgctcttc	tggctgggag	gctgtggcgt	gctgggtgtc	300
ggcatctggc	tggcgcgcac	acagggggagc	ttcgccacgc	tgccctcttc	cttcccgtcc	360
ctgtcggtcg	ccaacctgct	catcatcacc	ggcgcccttg	tcattggccat	cggcttcgtg	420
ggctgcctgg	gtgccatcaa	ggagaacaag	tgcctcctgc	tcactttctt	cgggtgctgc	480
tgggtggagg	ccaccatcgc	catcctcttc	ttcgccata	cggacaagat	tgacaggtat	540
gccagcaag	acctga					556

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cggggggagtg aggagaaagg gggggccttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatc atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actactttga ctctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaaggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaaag gccggggccc gcaaggtcat cgggatcgag 360
tgttccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccattgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggcctcatct tcccagaccg ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagAAC 660
gtgtatggct tgcacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaagacct gaccttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
gactacgtgc acgccctggg ggctacttcc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtcctccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag1080
ctgtgcgagc tgtcctgctc caccgactac cggatgcgct gaggcccggc tctcccggcc1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct1200
ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg1260
actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatc tacgccaata aatcctcagc1320
tgggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga

```

1349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :
- ```

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggcccactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cactttctcc ctccctcagc 240
ccaaacaaaa ggctgggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttaggttag atttgaagac ggggccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag ccctcttctc ctcttcccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttctttctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtcct 540
ttttttgaga gtgaatgggg gaggggtggga agggaccag atttgtagat ctctttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg tttgcagagc ggaagcagag tttggaaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tgttcccacc ctcagtgagg aggtgtgagt gggtagcat gtggagttgg 720
gtgttcccac cctcagttag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagt acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttggttcc cctgccccac aacatggtct 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtgcaggg 1020
ctgtgccccg ggtgggaggg tgtctatgtg gcaactgactg tcttagctca gagctggtgg 1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgttttct ctatttgg 1140
ggtattttcc ccctcaggct cctgggtctg ctgtgcctc aaggtgtcct gaccttgagg 1200
ctgatgaggg gaccctgccc tgttcccccc atactgagtt ctaggagggt gctcacccca 1260
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gctccgagaa 1320
agggtaacct ccacgcttct ctctccaaa ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac 1380
aggctcccc tgccagcttc taggatcttc cttggtgtgc aatgggccag ttaggggtag 1440
gcagcttgca cccagttctc ctttatctca acttatttct ctggggagag gtgcctagag 1500
ggattgaggt aacttcaact gggaattcca aggaagggtg gcaagtagcc ttggctctct 1560
cccaccatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgacct 1620
ctgaaaagtt gggaaactgag ggggtgcctt attccccttt gtacactttc tccagctcaa 1680
cttgggactt ggggtgtggg actggagacc tcaccctgct tcccgtcccc ccccttttct 1740
atcccaacct gtttccatgt agcagacctt tcctagggag cagggagggg aagccacaga 1800

```

ttgcaaacc aggggctcct ttttcatctt ttctaaaacc ttgatatacct cagcccaaag1860  
 gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aaccgggac ttgtatcttt1920  
 gtataacgga tgttatttgt acgaaggga gttcgtaaac agcacttgtt cttttaataa1980  
 aagaatgttt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a 2021

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

gcgaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaagggtgaa ggctctggaa ggcttcccc 60  
 gtctcgtggg tcttgacttc tttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120  
 gcttgatgc cctcaggggt gctgaccct gccaggcca gaatatcagg ctagagacc 180  
 atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tctcagggg 240  
 gatgggggtg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tctggtgcac 300  
 ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcagg aggctttggc atgacttaag aggaaggcca 360  
 gtcttgggcc cgctatgcag gtcttgcaa acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420  
 tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgcgtga tccctgttgt 480  
 gaggttcctt ccaggggctg gactgaagc aagggtgctg gggcccatg gccttcagcc 540  
 ctggctgagc aactgggctg tagggcagg ccacttcctg aggtcaggtc ttggtagggt 600  
 cctgcacatg tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660  
 aaaaagttca cagtcaaatg gggaggggta ttcttcagtc aggagacccc aggccttggg 720  
 ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggtacctc ctgaagccct tttgcagca 780  
 ctgtatcctt ccaaagccat tgtaaatgtg tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840  
 tttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaa aaaaaaaaaa 900

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

|            |            |            |             |            |             |      |    |
|------------|------------|------------|-------------|------------|-------------|------|----|
| ggcggggcct | gcgggcgga  | cgcgccgaa  | gccgcacggg  | agacgacgag | gaggagccgg  | 60   |    |
| aagatgcgga | cgaggcgga  | gttccccgtg | atctccgtgg  | tggggtacac | caactgcgga  | 120  | 30 |
| aagaccacgc | tgatcaaggc | actgacgggc | gatgccgcca  | tccagccacg | ggaccagctg  | 180  |    |
| tttgccacgc | tggaagtcac | ggccccacgc | ggcacgctgc  | cctcacgcat | gaccgtcctg  | 240  |    |
| tacgtggaca | ccatcggtct | cctctcccag | ctgccgcacg  | gcctcatcga | gtccttctcc  | 300  |    |
| gccaccctgg | aagacgtggc | ccactcggat | ctcatcttgc  | acgtgaggga | cgtcagccac  | 360  | 35 |
| cccgaggcgg | agtccagaaa | tgcagcgttc | tgtccacgct  | gcgtggcctg | cagctgcccg  | 420  |    |
| ccccgctcct | ggactccatg | gtggagggtc | acaacaaggt  | ggacctcgtg | cccggttaca  | 480  |    |
| gccccacgga | accgaacgtc | gtgcccgtgt | ctgccttgcg  | gggccacggg | ctccaggagc  | 540  |    |
| tgaaagctga | gctcgatgcg | gcggttttga | aggcgacggg  | gagacagatc | ctcactctcc  | 600  | 40 |
| gtgtgaggct | cgcaggggcg | cagtcagctg | gctgtataag  | gaggccacag | ttcaggaggt  | 660  |    |
| ggacgtgatc | cctgaggacg | gggcccgcga | cgtgagggtc  | atcatcagca | actcagccta  | 720  |    |
| cggcaaattc | cggaagctct | ttccaggatg | aacggacgcc  | cacagaggcc | tgccgggtgg  | 780  |    |
| gggcatcgct | gcctggggag | ctgaggcggt | accgctgtgt  | tgggggcagc | ttgggtgtcag | 840  |    |
| gtgcagcagg | gtcctccttg | tctggttctg | caccggtctc  | gctcccagcc | atttgctggg  | 900  | 45 |
| atgaccgtgc | aggccggtga | cacggccgca | cctgccccaa  | agcgggccgc | ccgagcgtcc  | 960  |    |
| actccaagcc | tgagcatcca | cacaattcca | gtggggccctc | ggtgcctgct | gtgaactgct  | 1020 |    |
| ttccctcgga | atgtttccgt | aacaggacat | taaacctttg  | attttacttc | agtgaaaaaa  | 1080 |    |
| aaatccagtt | cctcctgcac | ctgccgtgag | ccgtggcctg  | gtggcaccga | cggccccctc  | 1140 | 50 |
| gccccgctgt | ctgtgttcac | agatggtctc | ggtttcccat  | ggtggtgtcg | gggaaatgac  | 1200 |    |
| gaaaaatcag | gt         |            |             |            |             | 1212 |    |

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 494 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```

ctccctaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtaga agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctgggtcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc ccctccggaa gctggtgcag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtggttg acatgtaaaa acattcatcc tggtttcac tgtctttcaa 420
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc
494

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 729 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

|            |            |             |            |            |            |     |    |
|------------|------------|-------------|------------|------------|------------|-----|----|
| tttttttcct | tgggaagcag | gagtttattt  | ttatcctttt | gtaagtatta | actcggtaat | 60  |    |
| cacaacaaac | acggagcaat | ctcaatgctg  | tttatccgga | ggacagtctg | cggggtcgtg | 120 |    |
| acgattcttt | tcttcttgaa | gttttttcct  | ttcctgaatc | tcataatgat | tcttggccat | 180 | 5  |
| gattctgtct | ttcaatgac  | tgtggcttct  | actcgaacaa | gatcctttcc | gaggagtggc | 240 |    |
| ttgccaagca | gcgtgaagtt | gtctgcccc   | accagcagga | ccttctccag | tcgaattctc | 300 |    |
| tctccacacg | caaggtctag | ttcatttcca  | attaagatca | ggtcttcaga | ggtcaccttc | 360 |    |
| cactggcggc | tggcaaagtg | caccacggca  | aagagcctgc | catactgccc | cgtgacgac  | 420 |    |
| atctcattca | ccttcttcac | gacctctgca  | tgggtgtctg | tctcctcaac | tgggtctggc | 480 | 10 |
| agaacaactt | ctggccaagg | tgggtgaactc | agggatgttt | taggaacata | tcctggtaga | 540 |    |
| tatgaagtgc | tctgtgaatt | gaaccttcga  | gaagcagacc | aaagggaggc | tgctccgggc | 600 |    |
| cccgaaggtc | tcaggatgct | gtggctgcac  | gcggacgcca | gccgccctaa | ggtgaccgct | 660 |    |
| aggggaagtg | ctgccatggc | cgcgcccatc  | ttcccgacgc | ctcggccgga | aacggaaacg | 720 | 15 |
| acgcgaacc  |            |             |            |            |            | 729 |    |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1315 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

|            |            |             |             |            |            |     |    |
|------------|------------|-------------|-------------|------------|------------|-----|----|
| cagaggctct | tttttaaata | ttggggaaat  | cataccact   | gaggaataga | ggccagggca | 60  |    |
| gatcaggcct | gcgtggattg | tgggtcagct  | agggaagcag  | aaggaggaag | acgctggaat | 120 | 55 |
| cattgtcagg | actgagaata | tgggtgtgagt | tgcttttgag  | ggaggccatg | tgagcacctt | 180 |    |
| ggccagatta | atctctttcc | ccctccatg   | atggtggcag  | gggcaggagc | tgacttcgtg | 240 |    |
| atgctgggtg | gcatgctggc | tgggcacagt  | gagtcagggtg | gtgagctcat | cgagagggat | 300 |    |
| ggcaagaagt | acaagctctt | ctatggaatg  | agttctgaaa  | tggccatgaa | gaagtatgct | 360 |    |
| gggggcgtgg | ctgagtacag | gtatgtgtgg  | aggcccagga  | gcttagtaat | agtatggagg | 420 | 60 |
| cagaactcat | ggctgctgag | agggggatgg  | tacagttctc  | agagaagcat | ggtgaaccgg | 480 |    |
| ggctcaatgc | tagggctctg | ggaaaagtcc  | ctgggcttaa  | ggaatccaga | aggagaagat | 540 |    |

```

aataaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaga cagtgggaagt tcctttttaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660
gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcatccg agtcacccag 720
5 cagggtgaatc caatcttcag tgaggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780
accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac tttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaatgccc aaggactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960
10 aaacagtctg agaaaatgat gcaagaaaat caaatgggaa tctggggacc caacacaaca1020
tcctgaagat tattaanaag aaaagatgct gattgggtaca taaatctttt acatggcctt1080
ggtctagagg aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac1140
cttcacatat ctanaaagct ctgaagtgtt tgtatatattg aaataacctc ataaagagag1200
15 agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct1260
gctgcagagt ggggtggtggt agggtcagca ctgaccagc ggggtcaaga acaat 1315

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gotgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120
55 ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggtttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
60 ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttctt 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttgga atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
65 ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780

```



```

atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgcact ccgagtcacag ctcagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtttct ccgtccctac acaggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcattg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttgggtc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgtt1140
gccactttcc tcaactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcctt ccaaagggtt tgggttttat tgccttctgt1260
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttatttaaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcggcat1500
gcattgtgaa agctttccat acccttgggc attccctctc tcctctctct ccaaccccat1560
ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aattttagag1680
aaacaaacgt aggccttggt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttatttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaataa gtgggacaca1800
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctgtt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactg tggaatctat ttctaaccta aaggtgctgc cctagtactt ttcttttgc1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaaa1980
actagaggtg ctgctccacc tcgtctcata a
2011

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2009 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaaggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaag aagacaaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360

```

5 cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420  
 cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480  
 cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540  
 caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600  
 aaegtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc ttttttcccc cacgttgaga 660  
 ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct cctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720  
 cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgta 780  
 10 agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840  
 agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attcctttgg catggttgcc atgttggtta 900  
 aatttgata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg tttttaggtt gtgggattat 960  
 ggtttggtta ctgaagtttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga 1020  
 15 gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag 1080  
 cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgtaatatg 1140  
 ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga 1200  
 tgcagagggt tttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaagg 1260  
 20 acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat 1320  
 gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctgagatttt aaagtactat attaaagaa 1380  
 aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag 1440  
 aggttggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat 1500  
 aaatggaaaa tccttaaat atgaaacagc ttgatatagt gtcctttttt taaaattcag 1560  
 25 aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacaga 1620  
 ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatag 1680  
 attgttctta caacttgat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg 1740  
 attaaatcct ttatcctggg tcttggtttt tccccattt gttaaatttt ttttagcatat 1800  
 30 ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt 1860  
 agtgcacaga tgacaagtga attttgaga aatgcataga ctgggattgg gcatgtggtat 1920  
 atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttggtaca 1980  
 tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc 2009

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

## 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gccccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120
tgactttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtctgggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccag ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgacggg cagcaagcca gcccctacca cccggcagc tgtggcgag gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctcggagctc ccaactcctca 480
gactccgggtg gaagtgacgt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt cccagcgat 540
ggttttctgt actgcaagaa gggggatccc aagcacggga agcggaacag aggcgggccc 600
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgagggca agaagagcaa gcacgcgccc 660
agaggcacc acctgtggga gttcatccgg gacatcctca tccaccgga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgag ctcggaggct 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggccatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac ggggtgatgg ccggcgactc 900
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tgggaaggagg aagaggttct ccagagtggg 960
aactgagggt tggaactata cccgggacca aactcacgga ccaactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tgggtgtattg tcagccatcg tcttgggact cggagactat1140
ggcctcgctt cccaccctc ctcttggaa tacaagccct ggggtttgaa gggactttta1200
tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagctctc agacactaaa1260
tgcagacaac accttctctc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcggttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactcccta1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttct aaaacattcc1500
cctccccact cctctccac agagtgtctg actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc cttctgggct tttctaac tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggccttttg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgagggtga gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttctgt agcagggtgt1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttgg1860
agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtctgtttta1980
ggactgattt ttcctattag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg ccttgtggaa tagatggttt tgcattccag ccaagtgtgc tgtaaaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
aggtggagat gagtacttgc tgagaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagtctttt tctctggggg tttttaattg caacttttac tttagattt 2269

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cttcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaagac tttttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttggggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaaca tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgcatctt cctccttcc ctcccttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
taaactctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaacac agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
30 ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tcttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattg gggtccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctac tcttacttcc cccaaattta 900
35 aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca 1020
tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctgggtt tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
40 tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatttt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
45 agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggagggaag aggaagttat ggaataacct gtggtggttg tgatccctag 1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttc ccatcccttg tgggaaatt 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc 1680
50 aaaccacagt tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gtttaagttt tcccttcatt 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
tcaaaaaaaa aaaa
1874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 687 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA.

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

|             |            |            |             |            |            |     |    |
|-------------|------------|------------|-------------|------------|------------|-----|----|
| gggccaaagtg | ccccagtcag | gagctgccta | taaattgccga | gcctgcacag | ctctggcaaa | 60  |    |
| cactctgtgg  | ggctcctcgg | ctttgacaga | gtgcaagacg  | atgacttgca | aaatgtcgca | 120 | 25 |
| gctggaacgc  | aacatagaga | ccatcatcaa | caccttcac   | caatactctg | tgaagctggg | 180 |    |
| gcacccagac  | accctgaacc | agggggaatt | caaagagctg  | gtgcgaaaag | atctgcaaaa | 240 |    |
| ttttctcaag  | aaggagaata | agaatgaaaa | ggtcatagaa  | cacatcatgg | aggacctgga | 300 |    |
| cacaaatgca  | gacaagcagc | tgagcttoga | ggagttcatc  | atgctgatgg | cgaggctaac | 360 | 30 |
| ctggggcctcc | cacgagaaga | tgacagaggg | tgacgagggc  | cctggccacc | accataagcc | 420 |    |
| aggcctcggg  | gagggcaccc | cctaagacca | cagtggccaa  | gatcacagtg | gccacggcca | 480 |    |
| cggccacagt  | catggtggcc | acggccacag | ccactaatca  | ggaggccagg | ccaccctgcc | 540 |    |
| tctacccaac  | cagggccccg | gggcctgtta | tgtcaaaactg | tcttggtgtg | ggggctaggg | 600 | 35 |
| gctggggcca  | aataaagtct | cttcctccaa | gtcagtgctc  | tgtgtgcttc | ttccaccttt | 660 |    |
| ctgcaagcct  | gcctttccag | gggtgtg    |             |            |            | 687 |    |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

5 gagcaacgct ggagcatccc gctctggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
 tgttcccgcgt gttgtccctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaatca 120
 ggaaaatgct gtccagtgagg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
 tggtcacagg agctaataca ggtatcgagg aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
10 gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaagg ggaattgggtg gccaaagaga 300
 tccagaccac gacaggggaa cagcaggtgt tgggtgcgcaa actggacctg tctgatacta 360
 agtctattcg agcttttgct aagggttct tagctgaaga aaagcacctc cacgttttga 420
 tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
 acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccac tctgctgcta gagaaactaa 540
15 aggaatcagc cccatcaagg atagtaaag tgtcttccct cgcacatcac ctgggaagga 600
 tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
 gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
 ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
20 tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
 agaccagcct gcaactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
 gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
 tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg1020
25 gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatga ttctccttca1080
 aggttttcaa aacctttagc acaaagagag caaaaccttc cagccttgcc tgcttgggtg1140
 ccagttaaaa ctacgtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact1200
 ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gacctcata1260
 tgacctgcac agctcatttt cttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat1320
30 agcaggggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctccca1380
 accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaal440
 agactggctc aggagcaggg cttgccaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca1500
 agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc 1528

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68

|            |            |             |             |            |             |     |    |
|------------|------------|-------------|-------------|------------|-------------|-----|----|
| tcaccaccca | gtgatgtgct | gaggcctcct  | gcagtgaatg  | ctccttccat | tctgtactc   | 60  |    |
| aggcagtgcc | attcagcaca | ggagagctct  | ttttgccttt  | ggctttcaat | tccaaaacat  | 120 | 5  |
| gatttaattt | ctaactaaat | tagtatggca  | ctagttaatga | agtatctgct | taaaaccctt  | 180 |    |
| catcatgata | tctgtggat  | ttaaaaactc  | taattccatg  | ttttcttccc | atctgcctta  | 240 |    |
| tatatctcat | caccctgctt | atcaatatc   | agtttgatga  | gcactattaa | ctaaaatatg  | 300 |    |
| aaacttaaaa | acaaaagcaa | gttgctctta  | aaagttcttt  | ttttaagtaa | attggttgaca | 360 | 10 |
| tactgcaaat | tttctatgca | aacttgccctc | ctgctgttat  | ctgtgaagct | caggaaatcc  | 420 |    |
| aaacatttgt | gtttcaacaa | gggacagtaa  | actgtgtgtt  | tacagccaaa | agaaatgcct  | 480 |    |
| catagttcct | aacctcaact | tttgtagaag  | tatttttttc  | tctgtaatat | ttttattggc  | 540 |    |
| tcataaagat | gttttcatat | ctgaactcct  | aaataagtga  | aattacagta | gattatatata | 600 | 15 |
| acaaaatact | ttttaggtag | ccatgcttga  | gactttttta  | aaatataact | ttttccttaa  | 660 |    |
| agttttcagc | tatagcaaaa | ggtagttatg  | tatgccagac  | ctaatatgag | ctgccaccaa  | 720 |    |
| cacccttaga | actttcagcc | atgggtgtctt | cagaattgta  | gcgcatttct | gaatctaggc  | 780 |    |
| aaatcctcct | tttaccogtt | gaatgttttg  | aatgccttga  | ctctaccagc | gcccataaat  | 840 | 20 |
| gatctctagg | aagggctgtt | aggtaccaat  | tctgtttttt  | caactttgga | aggtaaaaac  | 900 |    |
| cccg       |            |             |             |            |             | 904 |    |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

|            |            |            |             |            |             |     |    |
|------------|------------|------------|-------------|------------|-------------|-----|----|
| RDTVVGDGTE | RSVTASRASA | PRPWQSQTDS | DSDSEGGGAAG | GEADMDFLRN | LFSQTLSSLGS | 60  |    |
| QKERLLDELT | LEGVARYMQS | ERCRRVICLV | GAGISTSAGI  | PDFRSPSTGL | YDNLEKYHLP  | 120 | 50 |
| YPEAIFEISY | FKKHPEPFFA | LAKELYPGQF | KPTICHYFMR  | LLKDKGLLLR | CYTQNIIDTLE | 180 |    |
| RIAGLEQEDL | VEAHGTFYTS | HCVRPSAGTN | TR          |            |             | 212 |    |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

20

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

40

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60  
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

45

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

65



SNLVYVLSLH FPFVSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
 NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

20 GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60  
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK 105

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

50 GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60  
DPRYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMMAW 120  
SKPRNVQILN MVTRQALWA NTLGSLALLY SAFGVIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180  
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEF S DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60  
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFEW LIGEAASVK LERPVRGH 118

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:80:

15

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

35

NLSPLPPPCT LACTCPHLCK VQLPSPGLCA LCLGCSGELM GGGVSTRGRL RGLVGPGMNI 60

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

65

ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGGLLQSPAP CSLLPRLRTW TS3SNRSRED SWLKSLFVRK 60  
 VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120  
 WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180  
 FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240  
 HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60  
 SRIPGVPWCF KPLQEAECTF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60  
 GFTSQATARPO APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

20

MGRARDAILD ALENLTAEEL KFKLKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60  
 LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAKP GLHFIDQHRA 120  
 ALIARVTNVE WLLDALYGV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180  
 LRESQSYLVE DLERS 195

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

55

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSCGV SGGSGRGWS FGARARRHPG CAGEPDRRG QEVQAEAAVG 60  
40 AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

45 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

PGLAAGLATL LLPSPFRAAS LVCAVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60  
SRP 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPO 60  
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

35

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

55

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60  
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120  
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

65

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60  
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120  
NYIEGTKMLA AYLIEVSQLK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60  
V 61

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTM R PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60  
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120  
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180  
KLGIKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240  
CTEPGEQPS KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH 284

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

65

QKRSFLEASA MEFSSIIREIG QTSPKWSEFL NPGREITLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60  
VGF 63

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

10

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

30

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60  
DAPIHGNPLT HFKT 74

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60  
RKLNILL 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

65

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20

CHNLNLTMFLG WSQLEFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60  
 ISGICFLAVF STFLPPW 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :

25

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

45

TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60  
 LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120  
 GAAAALPWPG TR 132

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

10

AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLOQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60  
 WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQFW GTAPTWSGKS WEASQRRLLWF 120  
 PWASTLGSWP 130

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

40

RPFIRAFACS KMAAVMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60  
 TQLIFVDEKL DITTLTGVE EHIKTRKVRI FVPARNNMOS GVNNTKKWKM EFDTRERWEN 120  
 PLMGWASTAD PLSNMVLTFE TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180  
 TRVSTK 186

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLLOPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKPAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60 5  
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 308 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 15
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

30

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60  
ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120  
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180 35  
DTTAEQRRTE RKAPKKKLPQ KKEAEKPAVP ETAGIKFPDF KSAGVTLSRQ RMKLPSSVGQ 240  
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300  
RHWPGLCV 308

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPSPSQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60  
IGKGSFGKVL LARHKAEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120 65  
FSFQTADKLY FVL DYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180

KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST ISTFCGIPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240  
 GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300  
 DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360  
 SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL 388

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60  
 LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120  
 IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVLG SAVGYLAYP LLSTA 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPEHLHG 60  
 CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEP SCISEKLFME 120  
 MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAQORD SEGRLOADPO RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180  
 GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240  
 NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIS ILDWTSFNQE 300  
 RIVDVAGPGG WNDPMLVIG NFGLSWNQOV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360

QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420  
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSEF ATFTPSIPSIP LSSAYFFFFS 60  
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHHTTA GLIFC 115

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

35

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

55

TKLTPGQAS? WFPHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60  
NFESRWNDI 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:109 :

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

20 MSPAPSSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60  
WKELLFSLA KKKKKKKK 78

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45

FFFFFLLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWELVPRRVP GPIQELLVRS 60  
VNSLTFDVPGL SELGAGDI 78

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60  
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

15

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

35

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60  
DFSVSFVLQI RCPNK 75

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

60

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60  
PEGLWNGSRN CQTCILAFP LFFKSGAQIS DQHSFCQIGE TIK 103 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- 5 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

25 IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60  
 EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDL EEAEY 120  
 KEARLVLDVSV KLEA 134

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- 35 (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

55 SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60  
 PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAEA QGGAAA AVEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120  
 RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

- 65 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTPSRP SRQCGPGRAS GPGPSCP KPP GAPSF L HATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60  
VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGRR LRRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120  
ASYGMRGSWH RSPLPAVVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRRAV PHGVPSQRLR NQEASLVPKG 180  
VPRAWYPGPI QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLLRSEW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240  
PPLRCSA 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

SKLNSYYGNV PVIEVKKNH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHESGEK GDIVVFLACE 60  
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTTSS 120  
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIA NSLVMQPI SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180  
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMNRPAE ESLMQALEDL 240  
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300  
PHGAEEAALT CWKTF L HPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVEKWCR DYFLNCSALR 360  
MADVIRAELL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420  
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480  
PSESKDILQQ VVDHLS PVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118 :

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

20

MAGRRVGAEP GPEVERRWWR RRLWQLGTEC KNQHDSSEAL QVLLCHSVSR LSPFAEEHWC 60  
YSSGI 65

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

50

MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60  
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

55

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60  
GVGGSSY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

15

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60  
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120  
IHENYRING 129

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122 :

(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

60

65

NATPQHRCFS LLSIYAVVFM DFWPNVTDKS QEVVQDFIPV LPEVCLEDGH LLLGLLLHFS 60  
 AATATGSQCR SFLGLEFFLP LQAVLFNFSL SFFFGLLQPP VLSFAGLGHL LGCPLLGLQQ 120  
 LLNPLRLTSH GGSDSESKAS GLRHLEGPLG QLTQPPTICA CSLRLPS 167

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

SNMAAPSGGW NGVGASLWAA LLLGAVALRP AEAVSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60  
 DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSPLYFTQF KAEVRGAEIE 120  
 YAMAYSKAAF ERESDVPLKT EEFVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

AVTSSPVAGG TFSSPVKLKG PVSLKGQHIT GFLGGTLKFS TWADVALSGG ACRVAEALGQ 60  
 RTEGPGPSWL PTASQFPLPA ELFWTQDRRS GGTKRVGNKW GLFLGKKTHG SPNFEPGSAL 120  
 IGLETFFSGF SPGGRPFKLN LRK 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20

EAVGSQEGPG PSVLCPRASA TLQAPPKAT SAQVENLRVP PRKPVMCWPF RDTGPFSTG 60  
 DEKVPPATGL LVTAQCAMPW PQSPAATAQL 90

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

50

APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYL FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60  
 LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120  
 TDKIDRYAQQ DL 132

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

SAAAWRAPAS RPSSTSCSPS TCSSGWEAVA CWVSASGWPP HRGASPRCPL PSRPCRLLPTC 60  
SSSPAPLSWP SASWAAWVPS RRTSASCSSL SGAAGWRPPS PSSSSPTRTR LTGMPSKT 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 357 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYFF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60  
TYRNSMFHNR HLFKDKVVDL VGSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120  
LDHVVTIIGK KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180  
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240  
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300  
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFITDLD FKGQLCELSC STDYRMR 357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLG MNGC 60  
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVS ASGGA EYQRR GMAVTISPSP NLS PFFESEW 120  
GRVGRDPDL 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

35

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QQQDKPSGLW PPGPWFP CPT TWSPHGWL AG CPCVCVTHGV SAGLC PGWEG VYVALTVLAQ 60  
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFFLRL LGLLLPQGV L TRLMRGPLP VSPILSSREV 120 65

LTPDS

125

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGE PV PLKTC LHFQF GREKRG GYPF SELAPGLGSS 60  
HFSRPFLRVW GEHLPR TQYG GNRQGS PHQP QGQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMR FQTL LPLCKPHPS 60  
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLS KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
60 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65

|                                                                                           |    |
|-------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                                      |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                                                    | 5  |
| (vi) HERKUNFT:                                                                            |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                                                    | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134                                                 | 15 |
| DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60<br>GHLGCGGHQA WD 72 |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:                                                      | 20 |
| (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren                                                                 |    |
| (B) TYP: Protein                                                                          | 25 |
| (C) STRANG: einzel                                                                        |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                                     |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                                      | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                                                    |    |
| (vi) HERKUNFT:                                                                            | 35 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                                                    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135                                                 | 40 |
| PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60<br>QGGFGMT 67 45     |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:                                                      | 50 |
| (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren                                                                |    |
| (B) TYP: Protein                                                                          |    |
| (C) STRANG: einzel                                                                        | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                                     |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                                      |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                                                    | 60 |
| (vi) HERKUNFT:                                                                            |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                                                    | 65 |

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

5 GGACGRATAE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60  
 FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120  
 PEASRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

30 PWALQLHRLI GWSPNHSLEFV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60  
 LLDDFFIFSEP LFKLSLAKFD APPEAVAAKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138 :

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

60 LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVTLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSF 60  
 RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120

VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCCEL NLREADQREA 180  
 APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60  
 TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAENVVKV NEMIVTGQYG RLFAVVHFAS 120  
 RQWKVTSIDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLLKDL VRVEATVIEK 180  
 TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

30

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60  
 WRPRSLIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPPLRA 120  
 SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAACKLKL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180  
 C 181

60

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
YDPRSLYERL QEQRDRKQOE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQOE LIEKQRREEE 120
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLT V KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

```

TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRERSRER KHSRERSR RN 60
AGKRSRERSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGR TDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 153

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTVEG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN 60  
 IZMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120  
 QTNMIVEGAK V 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60  
 FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYEL CILYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120  
 IVTISSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60  
EYWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120  
GQKKNSNMT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN\*

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60  
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147



|            |            |             |            |             |            |     |
|------------|------------|-------------|------------|-------------|------------|-----|
| ATLEHPALVP | LQPAEMVELM | FPLLLLLLLPF | LLYMAAPQIR | KMLSSGVCTS  | TVQLPGKVVV | 60  |
| VTGANTGIGK | ETAKELAQRG | ARVYLACRDV  | EKGELVAKEI | QTTTGNQQVL  | VRKLDLSDTK | 120 |
| SIRAFAGFL  | AEEKHLHVL  | NNAGVMMCPY  | SKTADGFEMH | IGVNH LGHFL | LTHLLLEKLG | 180 |
| ESAPSRIVNV | SSLAHHLGRI | HFHNLQGEKF  | YNAGLAYCHS | KLANILFTQE  | LARRLKSGSV | 240 |
| TTYSVHPGTV | QSELVRHSSF | MRWMWWLFSF  | FIKTPQQGAQ | TSLECALTEG  | LEILSGNHFS | 300 |
| DCHVAWVSAQ | ARNETIARRL | WDVSCDLLGL  | PID        |             |            | 333 |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

|            |            |            |            |            |           |    |
|------------|------------|------------|------------|------------|-----------|----|
| RGFYLPKLLK | QNWYLTALPR | DHLWALVESR | HSKHSTGKRR | ICLDSEMRYN | SEDMAESSR | 60 |
| GVGGSSY    |            |            |            |            |           | 67 |

## Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63 und 67, 68
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
  - oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63 und 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wo-

rin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147.

23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 in sense oder antisense Form.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

---

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

---

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

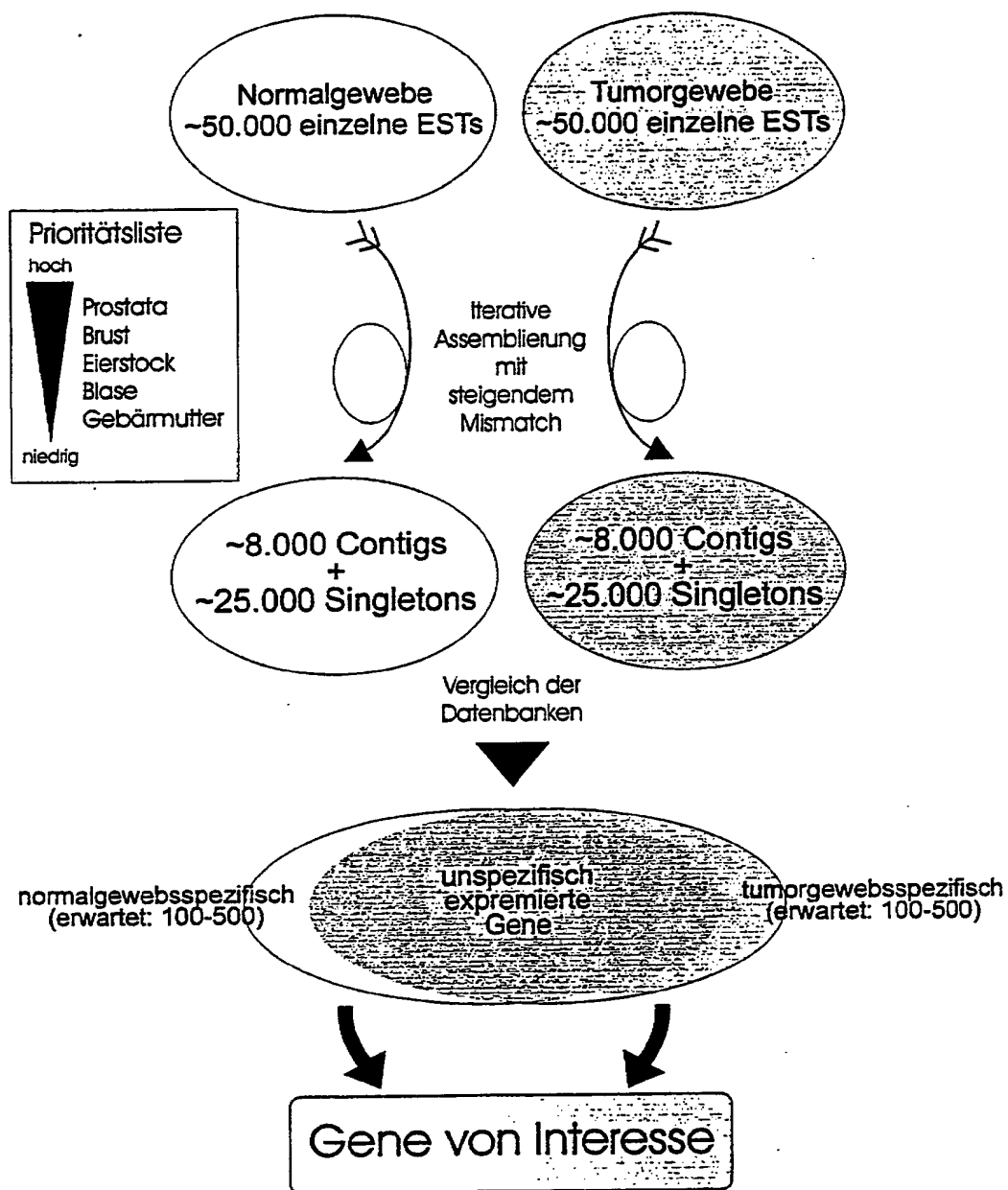


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

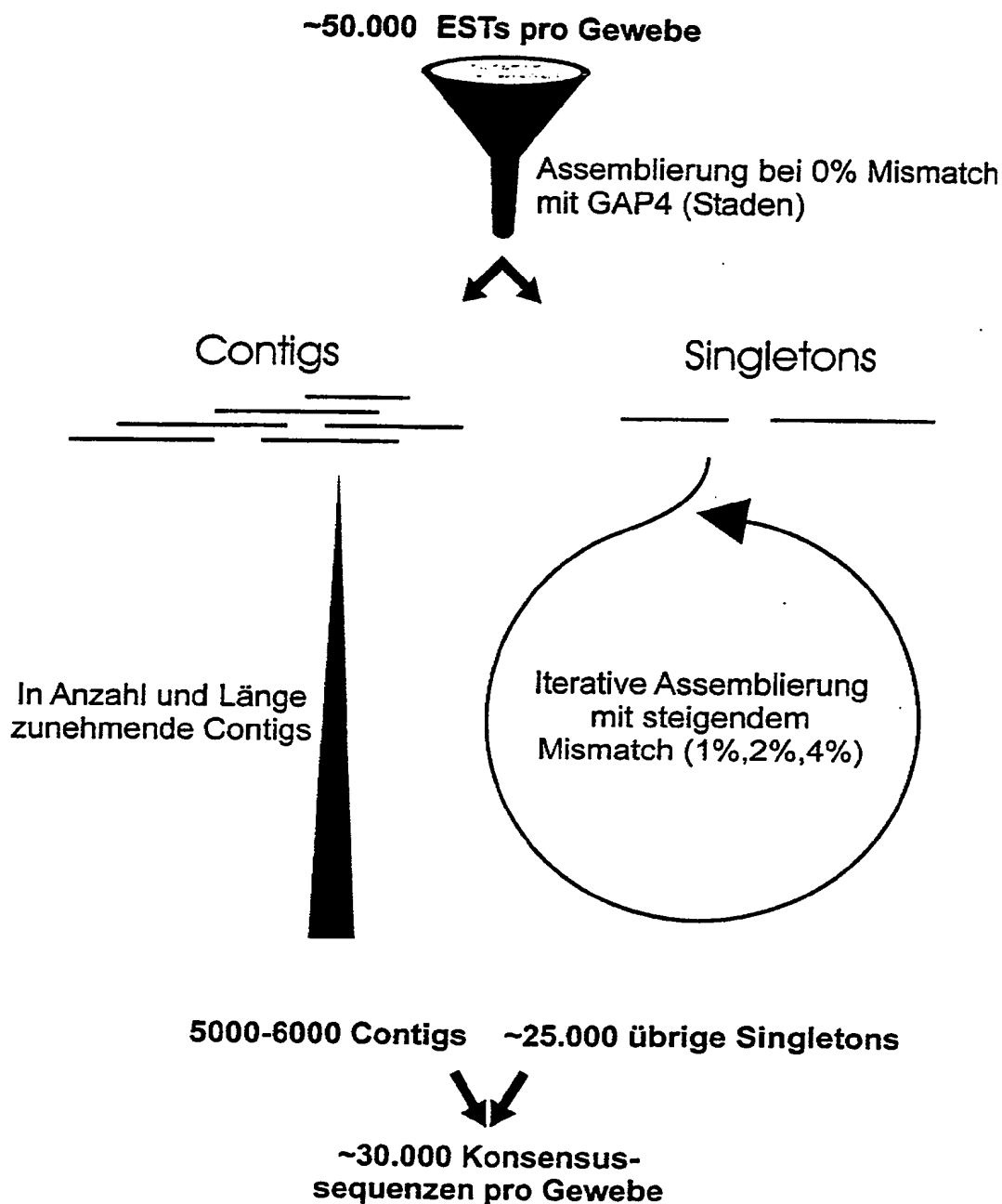


Fig. 2a

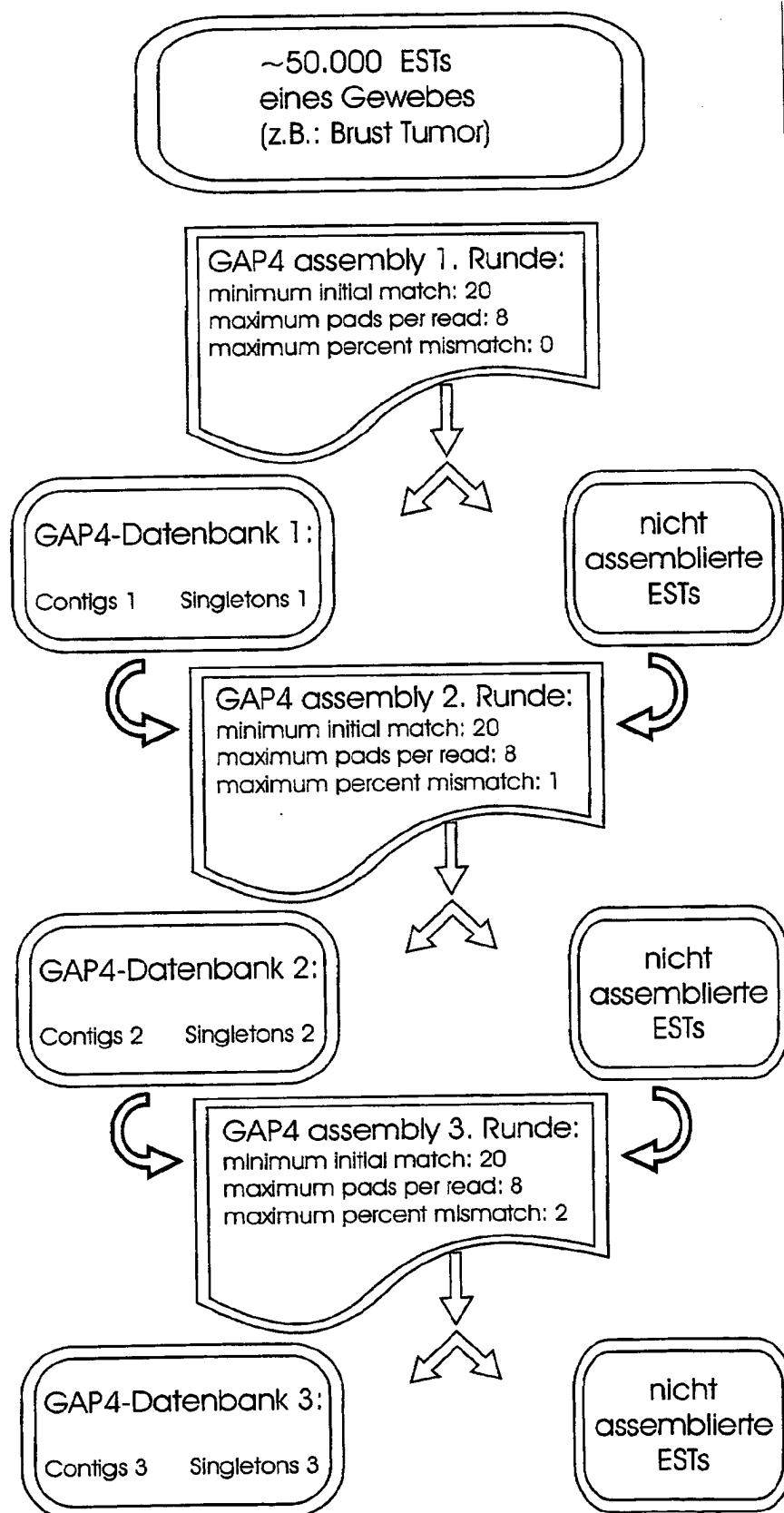


Fig. 2b1

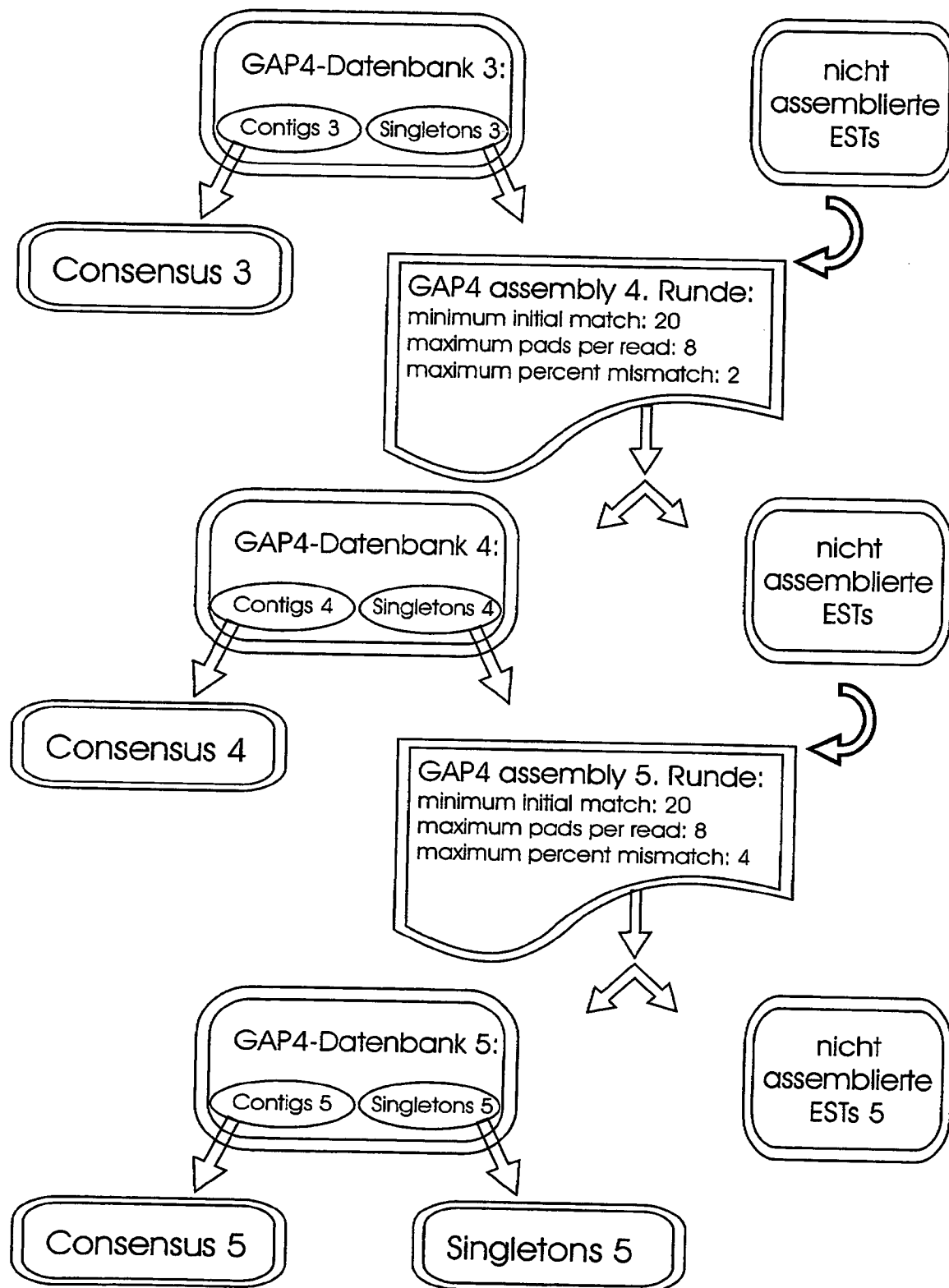


Fig. 2b2

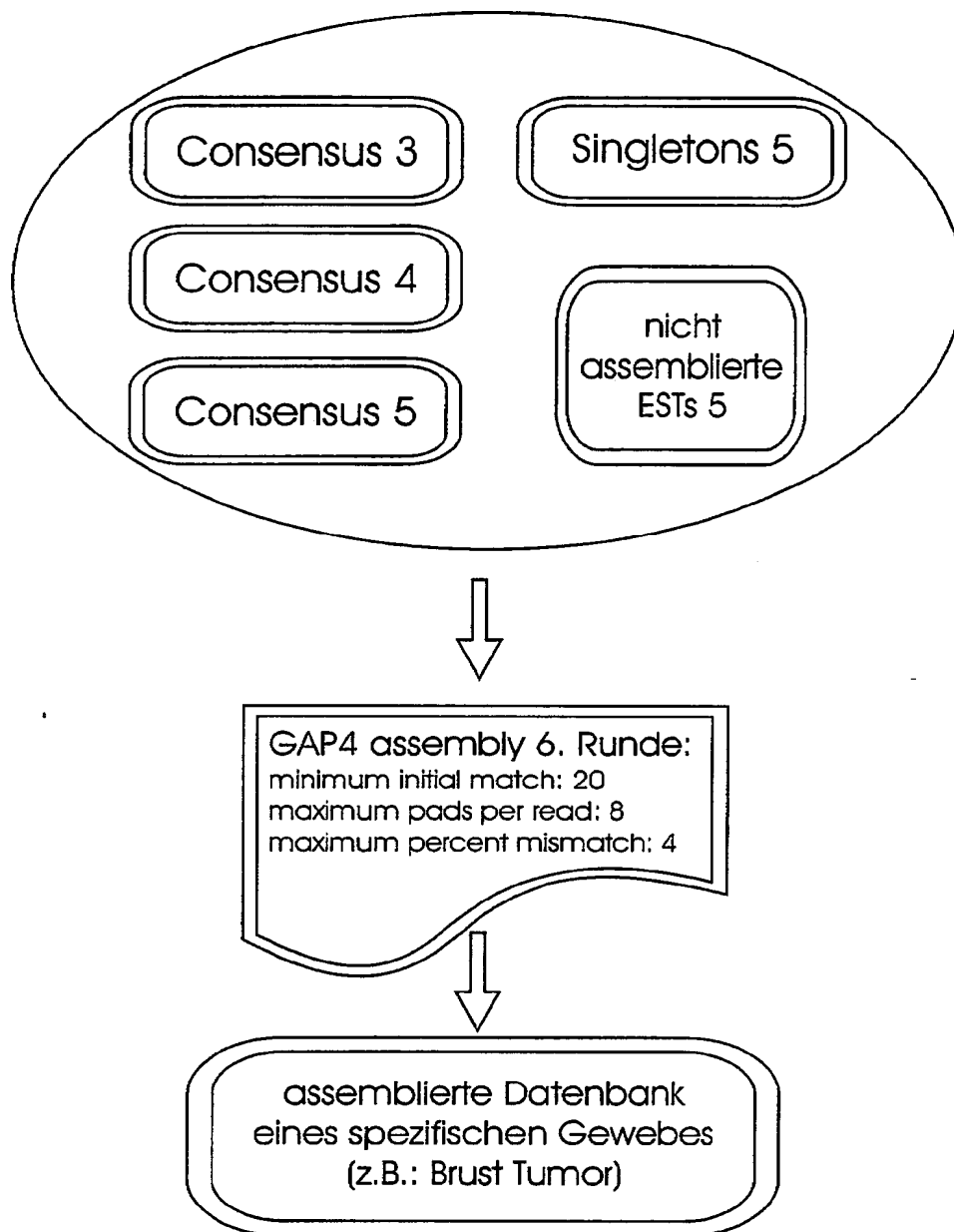


Fig. 2b3

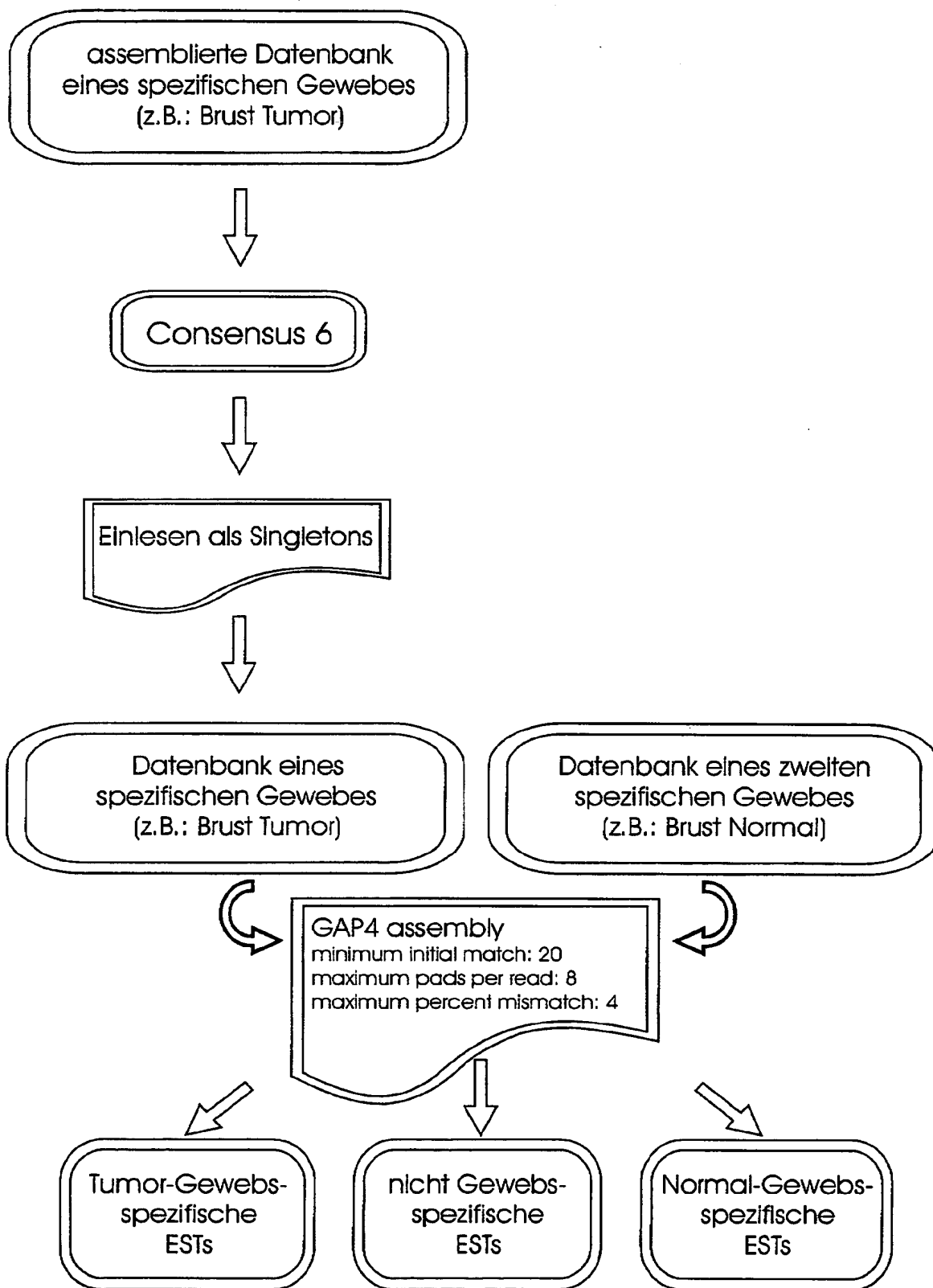


Fig. 2b4



# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe

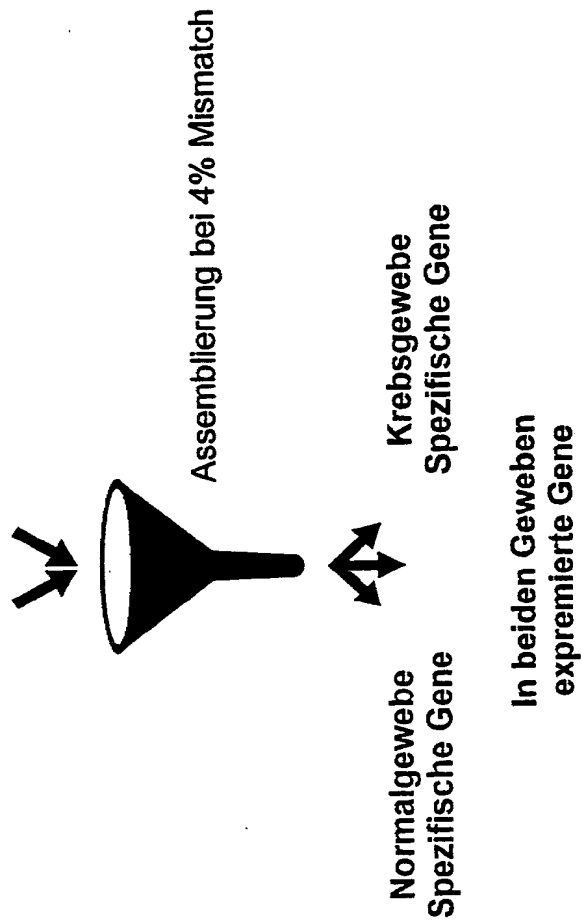


Fig. 3

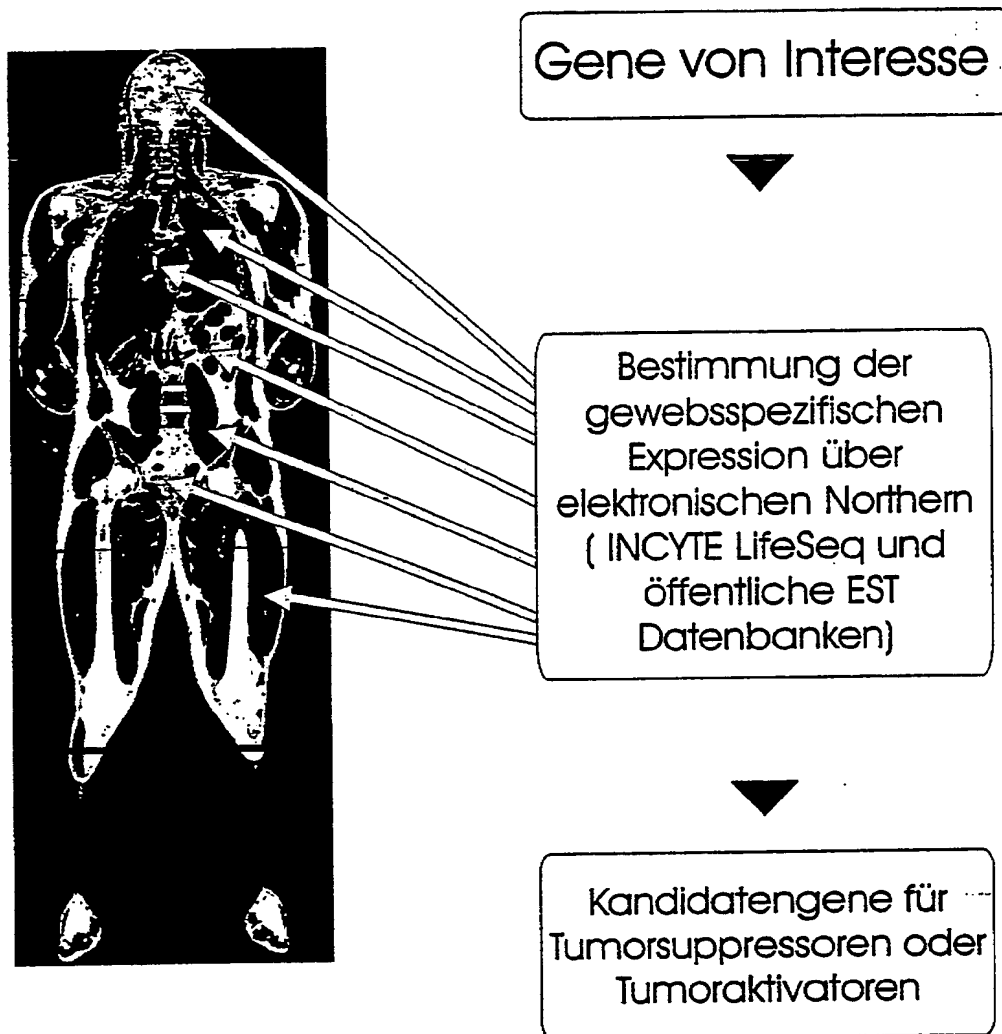


Fig. 4a

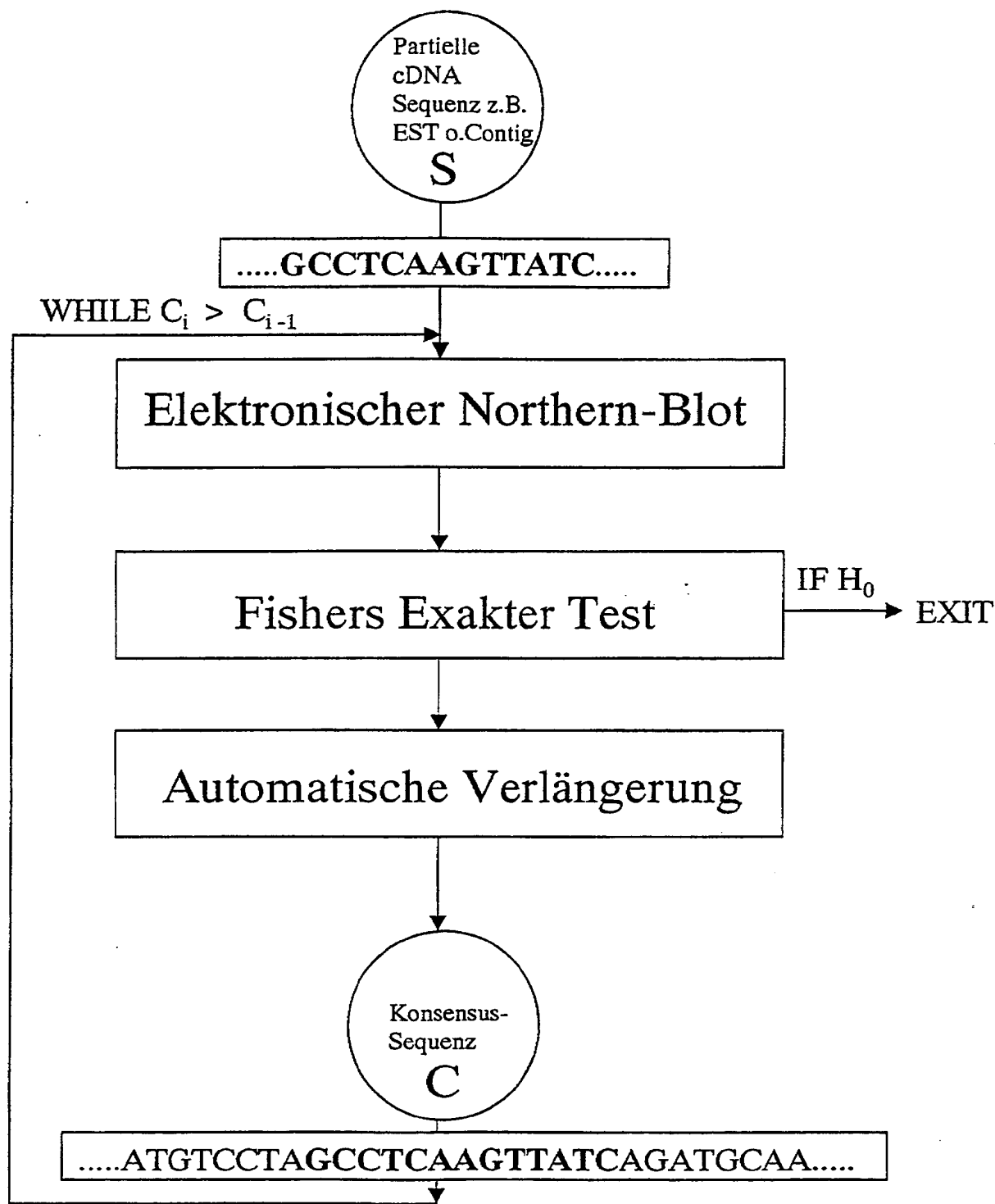


Fig. 4b

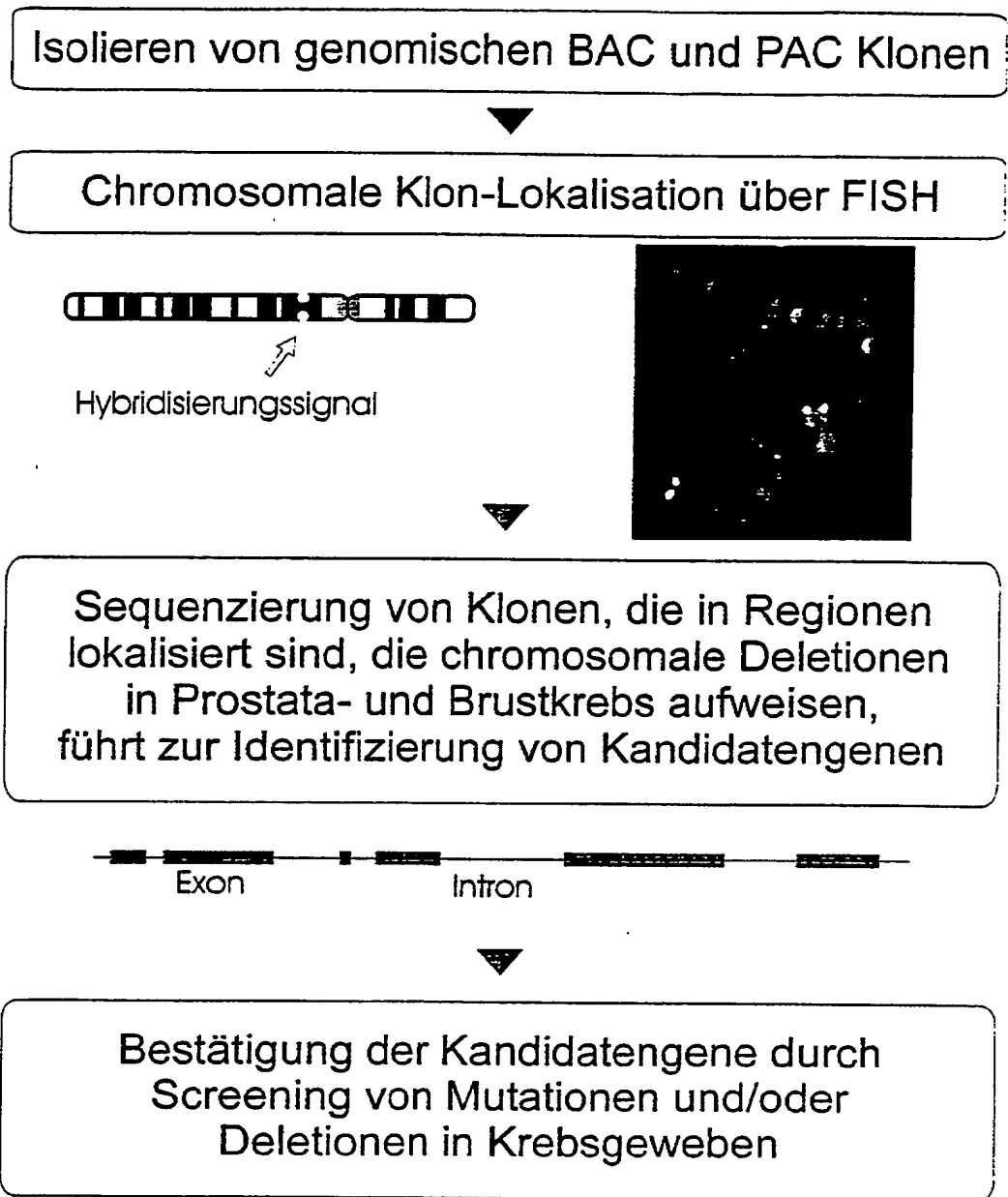


Fig. 5